

25 MAR 2005

#2

FR03/3293

BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION

COPIE OFFICIELLE

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le 14 NOV. 2003

Pour le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle
Le Chef du Département des brevets

Martine PLANCHE

DOCUMENT DE PRIORITÉ

PRÉSENTÉ OU TRANSMIS
CONFORMÉMENT À LA
RÈGLE 17.1.a) OU b)

BEST AVAILABLE COPY

SIEGE
26 bis, rue de Saint Petersbourg
75800 PARIS cedex 08
Téléphone : 33 (0)1 53 04 53 04
Télécopie : 33 (0)1 53 04 45 23
www.inpi.fr



INSTITUT
NATIONAL DE
LA PROPRIÉTÉ
INDUSTRIELLE

26 bis, rue de Saint Pétersbourg

75800 Paris Cedex 08

Téléphone : 33 (1) 53 04 53 04 Télécopie : 33 (1) 42 94 86 54

1er dépôt

BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ

Code de la propriété intellectuelle - Livre VI



N° 11354*03

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE page 1/2

BR1

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 540 e W / 2105

REMISE DES PIÈCES		Réervé à l'INPI
DATE		
LIEU	5 NOV 2002	
13 INPI MARSEILLE		
N° D'ENREGISTREMENT	0213792	
NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI		
DATE DE DÉPÔT ATTRIBUÉE PAR L'INPI	- 5 NOV. 2002	
Vos références pour ce dossier (facultatif) H52 437 C10/MD		

NOM ET ADRESSE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE
À QUI LA CORRESPONDANCE DOIT ÊTRE ADRESSÉE

CABINET BEAU DE LOMENIE
232, Avenue du Prado
13295 MARSEILLE Cedex 8

Confirmation d'un dépôt par télécopie		<input type="checkbox"/> N° attribué par l'INPI à la télécopie
2 NATURE DE LA DEMANDE		<input type="checkbox"/> Cochez l'une des 4 cases suivantes
Demande de brevet		<input checked="" type="checkbox"/>
Demande de certificat d'utilité		<input type="checkbox"/>
Demande divisionnaire		<input type="checkbox"/>
Demande de brevet initiale ou demande de certificat d'utilité initiale		N° Date <input type="text"/>
Transformation d'une demande de brevet européen Demande de brevet initiale		N° Date <input type="text"/>

3 TITRE DE L'INVENTION (200 caractères ou espaces maximum)

Identification moléculaire des bactéries du genre Streptococcus et genres apparentés

4 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE		Pays ou organisation Date <input type="text"/> N°
		Pays ou organisation Date <input type="text"/> N°
		Pays ou organisation Date <input type="text"/> N°
		<input type="checkbox"/> S'il y a d'autres priorités, cochez la case et utilisez l'imprimé « Suite »
5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)		<input checked="" type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique
Nom ou dénomination sociale		UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE (Aix-Marseille II)
Prénoms		
Forme juridique		Etablissement Public
N° SIREN		<input type="text"/>
Code APE-NAF		
Domicile ou siège	Rue	Jardin du Pharo 58, Boulevard Charles-Livon
	Code postal et ville	13284 MARSEILLE Cedex 07
Pays		FRANCE FRANÇAISE
Nationalité		N° de télécopie (facultatif)
N° de téléphone (facultatif)		
Adresse électronique (facultatif)		
<input checked="" type="checkbox"/> S'il y a plus d'un demandeur, cochez la case et utilisez l'imprimé « Suite »		

**BREVET D'INVENTION
CERTIFICAT D'UTILITÉ**

**REQUÊTE EN DÉLIVRANCE
page 2/2**

BR2

REMISE DES PIÈCES	Réervé à l'INPI
DATE	
LIEU	5 NOV 2002
13 INPI MARSEILLE	
N° D'ENREGISTREMENT	
NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI	
0213792	

DB 540 W / 210502

16 MANDATAIRE (s'il y a lieu)			
Nom Prénom Cabinet ou Société		HERARD Paul CABINET BEAU DE LOMENIE	
N °de pouvoir permanent et/ou de lien contractuel			
Adresse	Rue	232, Avenue du Prado	
	Code postal et ville	13295 MARSEILLE Cedex 08	
	Pays	FRANCE	
N° de téléphone (facultatif)	04 91 76 55 30		
N° de télécopie (facultatif)	04 91 77 97 09		
Adresse électronique (facultatif)			
17 INVENTEUR (S)		Les inventeurs sont nécessairement des personnes physiques	
Les demandeurs et les inventeurs sont les mêmes personnes		<input type="checkbox"/> Oui <input checked="" type="checkbox"/> Non : Dans ce cas remplir le formulaire de Désignation d'inventeur(s)	
18 RAPPORT DE RECHERCHE		Uniquement pour une demande de brevet (y compris division et transformation)	
Etablissement immédiat ou établissement différé		<input checked="" type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>	
Paiement échelonné de la redevance (en deux versements)		Uniquement pour les personnes physiques effectuant elles-mêmes leur propre dépôt	
<input type="checkbox"/> 19 RÉDUCTION DU TAUX DES REDEVANCES		<input type="checkbox"/> Oui <input type="checkbox"/> Non Uniquement pour les personnes physiques <input type="checkbox"/> Requise pour la première fois pour cette invention (joindre un avis de non-imposition) <input type="checkbox"/> Obtenu antérieurement à ce dépôt pour cette invention (joindre une copie de la décision d'admission à l'assistance gratuite ou indiquer sa référence) : AG	
20 SÉQUENCES DE NUCLEOTIDES ET/OU D'ACIDES AMINÉS		<input checked="" type="checkbox"/> Cochez la case si la description contient une liste de séquences	
Le support électronique de données est joint		<input checked="" type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/>	
La déclaration de conformité de la liste de séquences sur support papier avec le support électronique de données est jointe			
Si vous avez utilisé l'imprimé «Suite», indiquez le nombre de pages jointes		1	
21 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)		Paul HERARD (CPI 94-1205) 	
		VISA DE LA PRÉFECTURE OU DE L'INPI 	



INSTITUT
NATIONAL DE
LA PROPRIÉTÉ
INDUSTRIELLE

5 bis, rue de Saint Pétersbourg
5800 Paris Cedex 08
Téléphone : 33 (1) 53 04 53 04 Télécopie : 33 (1) 42 94 86 54

BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ

Code de la propriété intellectuelle - Livre VI

N° 11354*03

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

Page suite N° 1.../1...



Réserve à l'INPI

REMISE DES PIÈCES

DATE

LIEU 5 NOV 2002

13 INPI MARSEILLE

N° D'ENREGISTREMENT

NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI 0213792

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 829 @ W / 010702

14 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE		Pays ou organisation Date [] N° Pays ou organisation Date [] N° Pays ou organisation Date [] N°
15 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)		<input checked="" type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique
Nom ou dénomination sociale		CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE - CNRS
Prénoms		
Forme juridique		Etablissement Public
N° SIREN		[]
Code APE-NAF		[]
Domicile ou siège	Rue	3, rue Michel Ange
	Code postal et ville	171517914 PARIS Cedex 16
	Pays	FRANCE
Nationalité		
N° de téléphone (facultatif)		
N° de télécopie (facultatif)		
Adresse électronique (facultatif)		
15 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)		<input type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique
Nom ou dénomination sociale		
Prénoms		
Forme juridique		
N° SIREN		[]
Code APE-NAF		[]
Domicile ou siège	Rue	
	Code postal et ville	[]
	Pays	
Nationalité		
N° de téléphone (facultatif)		
N° de télécopie (facultatif)		
Adresse électronique (facultatif)		
16 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)		Paul HERARD (CPI 94-1205)
		VISA DE LA PRÉFECTURE OU DE L'INPI

Identification moléculaire des bactéries du genre *Streptococcus* et genres apparentés

La présente invention concerne le domaine du diagnostic. Plus précisément, l'invention concerne une méthode pour l'identification moléculaire des bactéries du genre *Streptococcus* et genres apparentés *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella* par les techniques de détection et/ou d'amplification et séquençage à l'aide de sondes ou d'amorces oligonucléotidiques appliquées à des souches de ces genres bactériens.

Les bactéries du genre *Streptococcus* et de quatre genres apparentés : *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*, sont des bactéries cocciformes, gram positif et catalase négative dont on reconnaît actuellement plus d'une quarantaine d'espèces. Les bactéries du genre *Lactococcus*, précédemment classées parmi les streptocoques comme *Streptococcus* groupe N, n'entrent pas dans le champ de ce brevet du fait de leur rareté en pathologie humaine, et du fait qu'elles sont facilement discriminées des streptocoques par leur croissance à + 10°C. Le genre *Streptococcus* comporte officiellement 55 espèces. Le genre *Gemella* comporte 6 espèces, le genre *Abiotrophia* comporte 1 espèce, le genre *Granulicatella* comporte 3 espèces, le genre *Enterococcus* comporte 24 espèces [www.springer-ny.com/bergeysoutline/main.htm]. Ces espèces sont facilement et fréquemment cultivées à partir de prélèvements environnementaux, de prélèvements cliniques vétérinaires et de prélèvements cliniques humains [Ruoff K.L. (1999) in *Manuel of Clinical Microbiology*, pp. 283-296, ASM press]. Chez l'homme, différentes espèces du genre *Streptococcus* sont responsables d'infections communautaires éventuellement sévères du fait du caractère invasif des streptocoques considérés ou du fait de la production de toxines et de manifestations cliniques éventuellement graves à distance du foyer infectieux. Par exemple, *Streptococcus pyogenes* (Streptocoque groupe A) est responsable d'angines et de syndromes post-streptococciques incluant le rhumatisme articulaire aigu au cours duquel la destruction des valves cardiaques par un processus inflammatoire est responsable d'une valvulopathie éventuellement mortelle. Également, plusieurs espèces du genre *Streptococcus* en particulier les Streptocoques du groupe A, du groupe C, et du groupe G sont

responsables d'infections invasives mortelles en particulier de myosite c'est-à-dire de destruction des tissus cutanés et sous cutanés et du tissu musculaire comme cela a été décrit depuis quelques années. Egalement par exemple *Streptococcus pneumoniae* (pneumocoque) est responsable de pneumonie, de méningite et de septicémie. Par ailleurs, les bactéries des genres *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia*, et *Granulicatella* sont responsables d'endocardites c'est-à-dire d'infection des valves cardiaques chez l'homme, lesquelles constituent des maladies infectieuses mortelles [Casalta JP et al. Journal Clinical Microbiology, 2002, 40 : 1845-1847]. Egalement, certaines espèces des genres considérés sont responsables d'infections nosocomiales, par exemple, les bactéries du genre *Streptococcus* du groupe A sont responsables de bactériémies qui succèdent à des explorations par endoscopie digestive. Egalement, les bactéries du genre *Enterococcus* sont responsables d'infections urinaires nosocomiales après utilisation d'antibio-prophylaxie par des antibiotiques de la famille des céphalosporines auxquelles elles sont naturellement résistantes. Ces espèces bactériennes posent par ailleurs le problème de leur résistance croissante aux antibiotiques, résistance à la pénicilline G de *Streptococcus pneumoniae* [Garav J. Lancet Infect. Dis. 2002, 2 : 404-415] et résistance à la vancomycine d'*Enterococcus* spp. [Gold H.S. Clin. Infect. Dis. 2001, 33 : 210-219 ; Bonten M.J. et al. Lancet Infect. Dis. 2001, 1 : 314-325].

Ces différentes espèces bactériennes posent le problème de leur détection dans les prélèvements pathologiques chez l'homme et de leur identification lorsqu'elles ont été isolées à partir desdits prélèvements. Les méthodes conventionnelles de détection reposent en effet sur la mise en évidence de bactéries cocciformes gram positif, à l'examen direct du produit pathologique. Il est cependant connu que cette détection microscopique des bactéries du genre *Streptococcus* et de genres apparentés dans les prélèvements cliniques a un seuil de sensibilité de 10^4 CFU/ml. Il est donc tout à fait possible qu'un prélèvement pathologique chez l'homme ou chez l'animal contienne une des espèces considérées qui ne soit pas détectée à l'examen microscopique direct de ce prélèvement pathologique. Par ailleurs, bien que leur structure soit celle de bactéries Gram – positif, elles peuvent apparaître

faussement Gram-négatif après coloration de Gram du prélèvement pathologique et donner lieu à une identification erronée ou à une impasse d'identification. Ceci est particulièrement fréquent pour les bactéries du genre *Gemella*. Chez l'homme, c'est en particulier le cas lors de l'examen 5 anatomopathologique et bactériologique des valves cardiaques dans le cas d'une endocardite.

Lorsque qu'une bactérie d'une espèce des genres considérés est isolée au laboratoire, les méthodes conventionnelles d'identification phénotypique sont les plus couramment utilisées pour l'identification des bactéries des espèces du 10 genre *Streptococcus* et des genres apparentés et plusieurs trousseaux d'identification ainsi que des automates ont été développés pour aider à l'identification phénotypique des bactéries du genre *Streptococcus* et des genres apparentés. Sur ce plan, le degré d'identification en pratique courante est variable. En particulier, un des tests utilisés pour l'identification des 15 Streptocoques et des bactéries des genres apparentés est l'observation d'une réaction hémolytique, c'est-à-dire la destruction par la bactérie des hématies contenues dans une gélose au sang. Cependant cette réaction d'hémolyse peut être inhibée par la présence d'oxygène ou par la présence de peroxyde lorsque les bactéries Streptocoques sont cultivées en présence de concentration 20 importante de dioxyde de carbone. Il est par ailleurs reconnu qu'il existe un certain degré de subjectivité dans l'appréciation de l'hémolyse par les colonies de Streptocoques et donc une variabilité d'inter opérateur qui nuit ensuite à la qualité de l'identification de ces bactéries. Pour les streptocoques alpha- 25 hémolytiques, un deuxième test est celui de la sensibilité à l'optochine qui permet de reconnaître *Streptococcus pneumoniae* qui est sensible à ce composé. Cependant, des souches de *Streptococcus pneumoniae* résistant à l'optochine ont été rapportées [Lund E. Acta Patho. Microbiol. Immunol. Scand. 1959, 47, 308-315]. Un dernier test phénotypique est le sérotypage, ce test peut être faussement positif en particulier pour les streptocoques de sérogroupe D du fait d'antigénicité croisée entre les streptocoques du groupe D, *Enterococcus* et 30 *Pediococcus*.

Plusieurs systèmes moléculaires ont été développés pour l'identification de certains sérogroupe ou de certaines espèces du genre *Streptococcus*, en

particulier les streptocoques du groupes A (*Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus intermedius*) et du groupe B (*Streptococcus agalactiae*) [Daly J.A. et al. *J Clin Microbiol.* 1991, 29 : 80-82 ; Heelan J.S. et al. *Diagn. Microbiol. Infect. Dis.* 1996, 24 : 65-69] de même que pour *Streptococcus pneumoniae* [Denys G.A. et Carrey R.B. *J. Clin. Microbiol.* 1992, 30 : 2725-2727] par hybridation de sondes spécifiques ciblant le gène codant l'ARN ribosomal 16S. Egalement, différents systèmes basés sur l'amplification par PCR de gènes codant pour des toxines ou des facteurs de virulence ont été développés pour la discrimination de *Streptococcus pneumoniae* parmi les Streptocoques α -hémolytiques [Salo P. et al. *J. Infect. Dis.* 1995, 171 : 479-482 ; Morrisson K. et al. *J. Clin. Microbiol.* 2000, 38, 434-437 ; Kaijalainen T. et al. *J. Microbiol. Meth.* 2002, 51 : 111-118], ainsi que pour la détection de *Streptococcus agalactiae* [Mawn J.A. et al. *J. Clin. Pathol.* 1993, 46 : 633-636]. Ces différents systèmes cependant ne permettent l'identification que d'une ou quelques espèces du genre *Streptococcus*.

Un système d'identification de trois espèces de streptocoque a été développé, basé sur l'amplification de l'entretoise 16S-23S [Forsman P. et al. *Microbiology*, 1997, 143, 3491-3500], mais l'identification n'a été limitée dans ce travail qu'à certaines espèces d'intérêt animal : *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus dysgalactiae* et *Streptococcus uberis*. Par ailleurs, il est actuellement indispensable de disposer dans les laboratoires de 2 cibles moléculaires distinctes pour la détection et l'identification des streptocoques, ceci afin de pallier les risques de contamination moléculaire inhérents à l'utilisation d'une seule cible.

Enfin, aucun système de détection et d'identification des genres apparentés à *Streptococcus* n'a été développé et plus particulièrement pour les bactéries du genre *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*.

Les inventeurs ont démontré selon la présente invention, que le gène *rpoB* constitue un marqueur génétique permettant la détection et l'identification spécifique de la bactérie de chaque espèce du genre *Streptococcus* et de 4 genres apparentés : *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*.

Bien que ce gène ait été précédemment montré comme un outil d'identification bactérienne dans différents genres bactériens, aucune publication

ne fait mention de son utilisation pour l'identification des bactéries des genres *Streptococcus* et des quatre genres apparentés et il n'y avait donc aucune suggestion quant à l'intérêt de la séquence de ce gène pour l'identification des dites bactéries. Au contraire, quelques séquences partielles du gène *rpoB* chez 5 quelques espèces, disponibles dans GenBank montrait une faible hétérogénéité, faisant douter de l'intérêt de ce gène comme outil d'identification pour ces bactéries. Enfin, les inventeurs ont développé un outil d'identification de quatre genres bactériens simultanément, obligeant la mise au point d'amorces dégénérées qui ne pouvaient être déduites d'aucune des séquences *rpoB* 10 déterminées pour chaque espèce.

Plus particulièrement, la présente invention concerne des séquences d'acides nucléiques spécifiques du genre ou de chaque espèce du genre *Streptococcus* et des genres apparentés dont la séquence nucléotidique est tirée du gène *rpoB* des dites bactéries.

15 Selon Lazcano et al. [J. Mol. Evol. (1988) 27 :365-376], les ARN polymérases sont divisées en deux groupes selon leur origine, l'un constitué par les ARN polymérases virales ARN- ou ADN-dépendantes, et l'autre constitué par les ARN polymérases ADN-dépendantes d'origine eucaryote ou procaryotes (archaébactéries et eubactéries). Les ARN polymérases ADN-dépendantes 20 eubactériennes sont caractérisées par une constitution multimérique simple et conservée notée « core enzyme », représentée par $\alpha\beta\beta'$, ou « holoenzyme » représentée par $\alpha\beta\beta'\sigma$ [Yura and Ishihama, Ann. Rev. Genet. (1979) 13 :59-97].

De nombreux travaux ont mis en évidence le rôle fonctionnel, au sein du complexe enzymatique multimérique, de la sous-unité β de l'ARN polymérase 25 eubactérienne. Les ARN polymérases archaébactérienne et eucaryote présentent, pour leur part, une structure plus complexe pouvant atteindre une dizaine, voire une trentaine de sous-unités [Pühlet et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1989) 86 :4569-4573].

30 Les gènes qui codent les différentes sous-unités $\alpha\beta\beta'\sigma$ de l'ARN polymérase ADN-dépendante chez les eubactéries, respectivement les gènes *rpoA*, *rpoB*, *rpoC* et *rpoD*, sont classés en différents groupes comprenant les gènes codant pour des protéines constitutives des sous-unités ribosomiques ou pour des enzymes impliqués dans la réPLICATION et la réPARATION du génome

[Yura and Yshihma, Ann. Rev. Genet. (1979) 13 :59-97]. Certains auteurs ont montré que les séquences des gènes *rpoB* et *rpoC* pouvaient être utilisées afin de construire des arbres phylogénétiques [Rowland et al. Biochem. Soc. Trans. (1992) 21 :40S] permettant de séparer les différents embranchements et sous-embranchements parmi les règnes du vivant.

5 Avant d'exposer plus en détail l'invention, différents termes, utilisés dans la description et les revendications, sont définis ci-après :

- Par « acide nucléique extrait de bactéries » on entend soit l'acide nucléique total, soit l'ADN génomique, soit les ARN messagers, soit encore l'ADN obtenu à partir de la transcription inverse des ARN messagers.
- Un « fragment nucléotidique » ou un « oligonucléotide » sont deux termes synonymes désignant un énchaînement de motifs nucléotidiques caractérisé par une séquence informationnelle des acides nucléiques naturels (ou éventuellement modifiés) et susceptibles de s'hybrider, comme les acides nucléiques naturels, avec un fragment nucléotidique complémentaire ou sensiblement complémentaire, dans des conditions prédéterminées de stringence stricte. L'enchaînement peut contenir des motifs nucléotidiques de structure différente de celle des acides nucléiques naturels. Un fragment nucléotidique (ou oligonucléotide) peut contenir par exemple jusqu'à 100 motifs nucléotidiques. Il contient généralement au moins 10, et en particulier au moins 12 motifs nucléotidiques et peut être obtenu à partir d'une molécule d'acide nucléique naturelle et/ou par recombinaison génétique et/ou par synthèse chimique.
- Un motif nucléotidique est dérivé d'un monomère qui peut être un nucléotide naturel d'acide nucléique dont les éléments constitutifs sont un sucre, un groupement phosphate et une base azotée choisie parmi l'adénine (A), la guanine (G), l'uracile (U), la cytosine (C), la thymine (T) ; ou bien le monomère est un nucléotide modifié dans l'un au moins des trois éléments constitutifs précédents ; à titre d'exemple, la modification peut intervenir soit au niveau des bases, avec des bases modifiées telles que l'inosine, qui peut s'hybrider avec toute base A, T, U, C ou G, la méthyl-5-désoxycytidine, la désoxyuridine, la diméthylamino-5-désoxyuridine ou toute autre base modifiée capable d'hybridation, soit au

niveau du sucre, par exemple le remplacement d'un moins un désoxyribose par un polyamide [Nielsen PE et al., *Science* (1991) 254 :1497-1500], soit encore au niveau du groupement phosphate, par exemple par remplacement par des esters choisis notamment parmi les diphosphates, les alkylphosphonates et les phosphorothioates.

5

- Par « hybridation », on entend le processus au cours duquel, dans des conditions appropriées, deux fragments nucléotidiques ayant des séquences suffisamment complémentaires sont susceptibles de s'associer par des liaisons hydrogène stables et spécifiques, pour former un double brin. Les conditions d'hybridation sont déterminées par la « stringence », 10 c'est à dire la rigueur des conditions opératoires. L'hybridation est d'autant plus spécifique qu'elle est effectuée à plus forte stringence. La stringence est fonction notamment de la composition en bases d'un duplex sonde/cible, ainsi que par le degré de mésappariement entre deux acides nucléiques. La stringence peut également être fonction des paramètres de 15 la réaction d'hybridation, tels que la concentration et le type d'espèces ioniques présentes dans la solution d'hybridation, la nature et la concentration d'agents dénaturants et/ou la température d'hybridation. La stringence des conditions dans lesquelles une réaction d'hybridation doit être réalisée dépend notamment des sondes utilisées. Toutes ces données 20 sont bien connues et les conditions appropriées peuvent éventuellement être déterminées dans chaque cas par des expériences de routine. En général, selon la longueur des sondes utilisées, la température pour la réaction d'hybridation est comprise entre environ 20 et 65°C, en particulier entre 35 et 65°C dans une solution saline à une concentration d'environ 25 0,8 à 1 M.
- Une « sonde » est un fragment nucléotidique possédant une spécificité d'hybridation dans des conditions déterminées pour former un complexe d'hybridation avec un acide nucléique ayant, dans le cas présent, une séquence nucléotidique comprise soit dans un ARN messager, soit dans 30 un ADN obtenu par transcription inverse dudit ARN messager, produit de transcription ; une sonde peut être utilisée à des fins de diagnostic (notamment sondes de capture ou de détection) ou à des fins de thérapie,

- Une « sonde de capture » est une sonde immobilisée ou immobilisable sur un support solide par tout moyen approprié, par exemple par covalence, par adsorption, ou par synthèse directe sur un solide. Des exemples de supports comprennent les plaques de microtitration et les puces à ADN.
- 5 - Une « sonde de détection » est une sonde marquée au moyen d'un agent marqueur choisi par exemple parmi les isotopes radioactifs, les enzymes, en particulier les enzymes susceptibles d'agir sur un substrat chromogène, fluorogène ou luminescent (notamment une peroxydase ou une phosphatase alcaline), les composés chimiques chromophores, les composés chromogènes, fluorogènes ou luminescents, les analogues des bases nucléotidiques et les ligands tels que la biotine.
- 10 - Une « sonde d'espèce » est une sonde permettant l'identification spécifique de l'espèce d'une bactérie.
- Une « sonde de genre » est une sonde permettant l'identification spécifique du genre d'une bactérie.
- 15 - Une « amorce » est une sonde comprenant par exemple 10 à 100 motifs nucléotidiques et possédant une spécificité d'hybridation dans des conditions déterminées pour les réactions d'amplification enzymatique.
- Par « réaction d'amplification » on entend une réaction de polymérisation enzymatique, par exemple dans une technique d'amplification telle que la PCR, initiée par des oligonucléotides amorces et utilisant une ADN polymérase.
- 20 - Par « réaction de séquençage », on entend l'obtention de la séquence d'un fragment d'acide nucléique ou d'un gène complet par un procédé de polymérisation abortive à partir d'amorces oligonucléotidiques et utilisant lesdits didésoxynucléotides (Sanger F, Coulson AR (1975), J.Mol.Biol. 94 : 441) ou hybridations multiples avec des sondes multiples fixées sur support solide telles qu'utilisées dans les puces ADN par exemple.
- 25 - Les inventeurs ont déterminé les séquences complètes des gènes *rpoB* de deux espèces de bactéries du genre *Streptococcus* : *Streptococcus anginosus* et *Streptococcus equinus*, d'*Abiotrophia defectiva*, et une très large portion du gène pour *Streptococcus mutans* et *Enterococcus faecalis*. Ces espèces ont été choisies par les inventeurs comme représentant les principaux

groupes génétiques déterminés sur la base de l'étude du gène 16S dans les bactéries du genre *Streptococcus* et genres apparentés, encadrant l'ensemble des espèces actuellement décrites dans ce genre, de sorte que l'alignement des séquences *rpoB* obtenues chez ces espèces puisse encadrer

5 vraisemblablement l'ensemble des séquences *rpoB* de toutes les espèces de ces genres bactériens plus précisément, il s'agit donc des espèces phylogénétiquement les plus divergentes parmi l'ensemble des espèces actuellement décrites dans ce genre, de sorte que l'alignement des séquences *rpoB* obtenu chez ces espèces puisse encadrer phylogénétiquement

10 vraisemblablement l'ensemble des séquences *rpoB* de toutes les espèces de ce genre bactérien.

A partir de ces séquences complètes ou quasi complètes et après de nombreuses tentatives infructueuses tel que rapporté dans les exemples 1 et 2 ci-après, les inventeurs ont mis en évidence les séquences consensus et

15 spécifiques SEQ.ID. n° 6 et 7 suivantes :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCCTGAAGAAAT-3', et
- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans lesquelles :

- N représente l'inosine ou l'un des 4 nucléotides A, T, C ou G,
- R représente A ou G,
- M représente A ou C, et
- Y représente C ou T,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

Les inventeurs ont déterminé lesdites séquences SEQ.ID.n°6 et 7 comme

25 étant non seulement consensuelles entre toutes les bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés mais en outre spécifiques de la famille des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

A la position correspondant à un nucléotide N, Y, M ou R dans les séquences SEQ.ID. n°6 et 7 on trouve des nucléotides variables dans les

30 séquences cibles complémentaires en fonction de l'espèce de la bactérie considérée, mais tous les autres nucléotides sont conservés dans toutes les espèces des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

Des séquences SEQ.ID n°6 et 7 ainsi définies sont présentes dans les gènes *rpoB* de toute bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés et spécifiques des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés et peuvent donc être utilisées à titre de sonde de genre pour 5 détecter toute bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

La présente invention a donc pour objet un oligonucléotide qui comprend une séquence d'au moins 12, de préférence de 18 à 35, motifs nucléotidiques consécutifs incluse dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 6 et 7 suivantes :

10 - SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGM CCTGAAGAAAT-3', et
 - SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans lesquelles :

15 - N représente l'inosine ou l'un des 4 nucléotides A, T, C ou G,
 - R représente A ou G,
 - M représente A ou C, et
 - Y représente C ou T,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

La présente invention a également pour objet un mélange d'oligonucléotides, constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence de 18 à 20 35, de préférence encore au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, inclus dans la séquence suivante :

20 - SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGM CCTGAAGAAAT-3',
 dans laquelle :
 - R représente A ou G,
 - Y représente C ou T,
 - M représente A ou C, et
 - N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

La présente invention a également pour objet un mélange 30 d'oligonucléotides, constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence de 18 à 35, de préférence encore au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCCTGAAGAAAT-3',
dans laquelle :

5 - R représente A ou G,
 - Y représente C ou T,

- M représente A ou C, et
- N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

La présente invention a également pour objet un mélange d'oligonucléotides, constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides de 10 séquences différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence de 21 à 35, de préférence encore au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans laquelle :

15 - R représente A ou G, et
 - N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

La présente invention a également pour objet un mélange d'oligonucléotides, constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides de 20 séquences différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence de 21 à 35, de préférence encore au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans laquelle :

25 - R représente A ou G, et
 - N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

Lesdits mélanges d'oligonucléotides peuvent s'hybrider avec la séquence complémentaire incluse dans le gène *rpoB* de toutes les bactéries du genre 30 *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

Pour préparer un dit mélange équimolaire d'oligonucléotides selon les synthèses d'oligonucléotides connues de l'homme de l'art, il suffit de mettre en

œuvre un mélange équimolaire de 4 ou 2 nucléotides pour les nucléotides correspondant à N ou respectivement K, N, R ou Y, à savoir :

- un mélange équimolaire des 4 nucléotides, A, T, C et G pour les nucléotides correspondant à N dans lequel N représente A, T, C ou G, et
- 5 - un mélange équimolaire des 2 nucléotides T et G pour les nucléotides correspondant à K,
- un mélange équimolaire des 2 nucléotides A et C pour les nucléotides correspondant à N,
- un mélange équimolaire des 2 nucléotides A et G pour les nucléotides
- 10 correspondant à R, et
- un mélange équimolaire des 2 nucléotides C et T pour un nucléotide représenté par Y.

Dans lesdits mélanges équimolaires d'oligonucléotides selon l'invention, du fait que « N » représente l'inosine qui peut s'hybrider avec toute base ou un 15 mélange équimolaire des 4 bases A, T, C, G, les séquences SEQ.ID.n° 6 et 7 peuvent s'hybrider avec la séquence complémentaire incluse dans le gène *rpoB* de toutes les bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

En outre, ces séquences consensus SEQ.ID. n° 6 et SED ID n° 7 encadrent des séquences hyper variables dont la séquence est spécifique pour 20 chaque espèce de bactérie du genre *Streptococcus*. Ces séquences encadrées par SEQ.ID. n° 6 et 7 peuvent donc être utilisées à titre de sonde d'espèce des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

De plus, les séquences SEQ.ID. n°6 et 7 ont été déterminées comme encadrant un fragment du gène *rpoB* comprenant une zone dont la longueur 25 variable est d'environ 720 pb et comme constituant la plus courte séquence spécifique pour chaque espèce de la bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

Les inventeurs ont ainsi pu mettre en évidence des sondes d'espèce pour chacune des 28 espèces de bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres 30 apparentés étudiées correspondant aux séquences SEQ.ID.n° 8 à 35 décrites à l'exemple 2 ci-après, encadrées par les séquences consensus SEQ.ID.n° 6 et 7.

Un autre objet de la présente invention est un gène ou fragment de gène *rpoB* d'une bactérie du genre *streptococcus* ou d'un desdits 4 genres

apparentés, caractérise en ce qu'il comprend une séquence telle que décrite dans les séquences SEQ ID n° 8 à 35 décrites à l'exemple 2, les séquences inverses et séquences complémentaires.

5 Un autre objet de la présente invention est la séquence complète du gène *rpoB* des bactéries, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus equinus* et *Abiotrophia defectiva* telles que décrites dans les séquences SEQ.ID. n° 1 à 3, utiles notamment pour un procédé selon l'invention.

10 Un autre objet de la présente invention est la séquence quasi complète du gène *rrob* des bactéries *Streptococcus mutans* et *Enterococcus faecalis* telles que décrites dans les séquences SEQ.ID n°4 et 5, utiles notamment pour un procède selon l'invention.

Dans les séquences SEQ.ID n° 1 à 5 et 8 à 35 décrites dans le listage de séquences en fin de description :

- 15 - le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I

20 Les séquences consensus SEQ.ID.n° 6 et 7 mises en évidence selon la présente invention, peuvent être utilisées à titre d'amorce d'amplification ou de réaction de séquençage dans des procédés de détection de bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés par identification moléculaire.

25 Les séquences SEQ.ID.n° 6 et 7 permettent dont non seulement de préparer des sondes de genre des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés mais aussi de détecter et identifier l'espèce de ladite bactérie par amplification et séquençage en utilisant lesdites séquences comme amorces.

30 La séquence complète du gène *rpoB* peut être utilisée pour identifier la bactérie pas seulement par l'étude de sa séquence primaire, mais aussi, par l'étude des structures secondaire et tertiaire de l'ARN messager provenant de la transcription de la séquence complète d'ADN.

Un autre objet de la présente invention est un oligonucléotide choisi parmi les oligonucléotides ayant une séquence consistant dans les séquences SEQ.ID.n°6 à 35 et parmi les oligonucléotides de séquences inverses ou complémentaires tels que définis ci-dessus.

5 Les oligonucléotides, fragments de gène et gènes objets de la présente invention, ont été décrits comme comportant des séquences d'ADN, c'est-à-dire avec des oligonucléotides A, T, C et G. Toutefois, la présente invention a également pour objet des oligonucléotides comprenant des séquences d'ARN correspondantes, c'est-à-dire dans lesquelles T est remplacé par U.

10 Les séquences SEQ.I. n°6 à 35 peuvent être préparées par synthèse chimique en utilisant les techniques bien connues de l'homme du métier et décrites par exemple dans l'article de Itakura K. et al. [(1984) Annu. Rev. Biochem. 53 : 323].

15 Une première application d'un oligonucléotide selon l'invention est son utilisation comme sonde pour la détection, dans un échantillon biologique, de bactéries de l'une des espèces du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés qui comprend une séquence nucléotidique dans l'une des séquences SEQ.ID. n°6 à 35, et leurs séquences inverses ou complémentaires.

20 Une sonde comprenant les séquences SEQ.ID.n° 6 et 7 sera utilisée à titre de sonde de genre et une sonde comprenant l'une des séquences SEQ.ID. n° 8 à 35 sera utilisée à titre de sonde d'espèce.

25 Les sondes selon l'invention peuvent être utilisées, à des fins de diagnostic, comme mentionné précédemment, par la détermination de la formation ou de l'absence de formation d'un complexe d'hybridation entre la sonde et un acide nucléique cible dans un échantillon, selon toutes les techniques d'hybridation connues et notamment les techniques de dépôt ponctuel sur filtre, dites « DOT-BLOT » [Maniatis et al. (1982) Molecular Cloning, Cold Spring Harbor], les techniques de transfert d'ADN dites « SOUTHERN BLOT » [Southern E.M., J. Mol. Biol. (1975) 98 :503], les 30 techniques de transfert d'ARN dites « NOTHERN BLOT », ou les techniques dites « sandwich », en particulier avec une sonde de capture et/ou une sonde de détection, lesdites sondes étant capables de s'hybrider avec deux régions différentes de l'acide nucléique cible, et l'une au moins desdites sondes

(généralement la sonde de détection étant capable de s'hybrider avec une région de la cible qui est spécifique de l'espèce, étant entendu que la sonde de capture et la sonde de détection doivent avoir des séquences nucléotidiques au moins partiellement différentes.

5 L'acide nucléique à détecter (cible) peut être de l'ADN ou de l'ARN (le premier obtenu après amplification par PCR). Dans le cas de la détection d'une cible de type acide nucléique double brin, il convient de procéder à la dénaturation de ce dernier avant la mise en œuvre du procédé de détection. L'acide nucléique cible peut être obtenu par extraction selon les méthodes connues des acides nucléiques d'un échantillon à examiner. La dénaturation d'un acide nucléique double brin peut être effectuée par les méthodes connues de dénaturation chimique, physique ou enzymatique, et en particulier par chauffage à une température appropriée, supérieure à 80°C.

10 Pour mettre en œuvre les techniques d'hybridation précitées, et en particulier les techniques « sandwich », une sonde de l'invention, appelée sonde de capture est immobilisée sur un support solide, et une autre sonde de l'invention, appelée sonde de détection, est marquée avec un agent marqueur. Les exemples de support et d'agent marqueur sont tels que définis précédemment.

15 20 De manière avantageuse, une sonde d'espèce est immobilisée sur un support solide, et une autre sonde d'espèce est marquée par un agent marqueur.

Une autre application d'un oligonucléotide de l'invention est son utilisation comme amorce nucléotidique comprenant une oligonucléotide monocaténaire 25 choisi parmi les oligonucléotides ayant une séquence d'au moins 12 motifs nucléotidiques incluses dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 6 à 35, qui est utilisable dans la synthèse d'un acide nucléique en présence d'une polymérase par un procédé connu en soi, notamment dans des méthodes d'amplification utilisant une telle synthèse en présence d'une polymérase (PCR, RT-PCR, etc.).

30 En particulier, une amorce de l'invention peut être utilisée pour la transcription inverse spécifique d'une séquence d'ARN messager de bactérie d'une espèce du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés pour obtenir une séquence d'ADN complémentaire correspondante. Une telle transcription inverse

peut constituer le premier stade de la technique RT-PCR, le stade suivant étant l'amplification par PCR de l'ADN complémentaire obtenu. On peut également utiliser les amores de l'invention pour l'amplification spécifique par réaction de polymérisation en chaîne de la séquence totale de l'ADN du gène *rpoB* d'une 5 espèce du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

Selon un cas particulier ladite amorce comprenant un oligonucléotide de l'invention comprend en outre la séquence sens ou anti-sens d'un promoteur reconnu par une ARN polymérase (promoteurs T7, T3, SP6 par exemple [Studier FW, BA Moffatt (1986) J. Mol. Biol. 189 :113] : de telles amores sont 10 utilisables dans des procédés d'amplification d'acide nucléique faisant intervenir une étape de transcription, tels que, par exemple, les techniques NASBA ou 3SR [Van Gemen B. et al. Abstract MA 1091, 7th International Conference on AIDS (1991) Florence, Italy].

Un autre objet de l'invention est une amorce nucléotidique comprenant un 15 oligonucléotide choisi parmi les oligonucléotides ayant une séquence comprenant l'une des séquences SEQ ID n° 8 à 35 ou une séquence incluse dans SEQ.ID. n° 6 à 35 qui est utilisable pour le séquençage total ou partiel du gène *rpoB* d'une souche quelconque d'une espèce du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

20 Le séquençage du gène *rpoB* partiel ou complet chez toute bactérie du genre *Streptococcus* et genres apparentés permet l'identification de toute bactérie *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés par analyse bio informatique de cette séquence et la reconnaissance de nouvelles espèces de bactéries *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés inconnues.

25 De préférence, dans une utilisation comme amorce ou pour le séquençage des gènes *rpoB* on utilise les séquences SEQ ID n° 6 et SEQ ID n° 7, dans lesquelles N est l'inosine de préférence, les séquences SEQ ID n°6 et SEQ.ID. n° 7

30 Plus précisément, la présente invention fournit un procédé de détection par identification d'une bactérie de l'une des espèces du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés caractérisé en ce qu'on utilise :

- un gène *rpoB* complet ou quasi complet de ladite bactérie selon la présente invention, ou

- un dit fragment dudit gène *rpoB* de ladite bactéries selon la présente invention, comprenant une séquence nucléotidique choisie parmi l'une des séquences SEQ.ID.n° 8 à 35, les séquences inverses et les séquences complémentaires, ou

5 un dit oligonucléotide ou dit mélange d'oligonucléotides selon la présente invention comprenant une séquence constituée de motifs nucléotidiques consécutifs, inclus dans l'une des séquences SEQ.ID.n° 6 et 7.

De préférence, dans ledit procédé de détection selon l'invention, on utilise :

10 - un dit fragment du gène *rpoB* de ladite bactéries comprenant une séquence choisie parmi l'une des séquences SEQ ID n° 8 à 35, les séquences inverses et séquences complémentaires, ou

15 - au moins un dit mélange d'oligonucléotides selon la présente invention, dont les séquences consistent dans les séquences SEQ ID n° 6 et 7, et leurs séquences inverses et séquences complémentaires dans lesquelles N représente l'inosine.

Dans un premier mode de réalisation d'un procédé de détection selon l'invention, on cherche à mettre en évidence la présence d'une bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés et, dans une première variante, on réalise les étapes dans lesquelles :

1. on met en contact au moins une sonde de genre comprenant un dit mélange d'oligonucléotides comprenant l'une des séquences SEQ.ID.n° 6 et 7, les séquences inverses ou les séquences complémentaires selon l'invention, avec un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés, et
2. on détermine la formation ou l'absence de formation d'un complexe d'hybridation entre ladite sonde de genre et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine la présence d'une dite bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

Dans une deuxième variante de réalisation d'un procédé de détection d'une bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés, on réalise les étapes dans lesquelles :

1. On met en contact des amores d'amplification comprenant desdits 5 mélanges d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans lesdites séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, séquences inverses et séquences complémentaires selon l'invention, avec un échantillon contenant ou susceptibles de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres 10 apparentés avec :
 - comme amorce 5' : un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans la séquence SEQ.ID.n° 6, ou de préférence consistant dans ladite séquence SEQ ID n° 6 complète, ou une séquence complémentaire selon l'invention ;
 - comme amorce 3' : un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans la séquence la séquence SEQ.ID.n° 7 ou de préférence consistant dans ladite séquence SEQ ID n° 7 complète, ou respectivement une séquence complémentaire selon l'invention.
- 20 2. On réalise une amplification d'acides nucléiques par réaction de polymérisation enzymatique et on détermine l'apparition ou l'absence d'un produit d'amplification, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon si un produit d'amplification est apparu.

Dans un deuxième mode de réalisation du procédé de détection d'une 25 bactérie selon l'invention, on cherche à détecter spécifiquement une espèce donnée d'une bactérie du genre *Streptococcus* choisie parmi les espèces *Streptococcus mutans*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*, *Streptococcus suis*, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*, 30 *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficile*, *Streptococcus dysgalactiae*, *Streptococcus equi*, *Streptococcus equinus*, *Streptococcus intermedius*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus bovis*, *Granulicatella adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*,

Enterococcus casselliflavus, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus sacharolyticus*, *Gemella haemolysans* et *Gemella morbillorum*.

Comme cela a été précédemment exposé en introduction, les genres 5 *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Granulicatella*, *Abiotrophia*, et *Gemella* comportent plus d'espèces bactériennes que celles qui ont été effectivement séquencées dans ce travail. Toutefois, les espèces séquencées ont été choisies telles qu'elles encadrent toutes les espèces connues dans ces genres bactériens et sont en nombre suffisant pour démontrer l'application de la séquence *rpoB* à 10 l'identification des espèces de ces genres.

Dans une première variante de ce deuxième mode de réalisation du procédé selon l'invention, on réalise les étapes dans lesquelles :

1- on met en contact un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie, avec au moins une sonde 15 d'espèce consistant dans un dit gène, dit fragment de gène ou dit oligonucléotide comprenant une séquence incluse dans l'une des séquences SEQ.ID n° 8 à 35, de préférence un oligonucléotide consistant dans l'une desdites séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, les séquences inverses et séquences complémentaires selon l'invention, et

20 2- on détermine la formation ou l'absence d'un complexe d'hybridation entre ladite sonde et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

Dans une seconde variante de ce dit deuxième mode de réalisation du 25 procédé selon l'invention dans lequel on cherche à détecter spécifiquement une espèce donnée d'une bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés choisie parmi les 28 espèces citées ci-dessus, le procédé comprend les étapes dans lesquelles, dans un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une dite bactérie :

30 a) on réalise une réaction de séquençage d'un fragment du gène *rpoB* amplifié d'une dite bactérie donnée à l'aide des amores nucléotidiques consistant dans desdits mélanges d'oligonucléotides comprenant des séquences incluses dans la séquence SEQ.ID. n° 6 comme amorce 5',

et SEQ.ID. n° 7 comme amorce 3', de préférence les séquences consistant dans lesdites séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, et leurs séquences complémentaires, et

b) on détermine la présence ou l'absence de l'espèce donnée de ladite bactérie en comparant la séquence dudit fragment obtenu avec la séquence du gène complet *rpoB* de ladite bactérie ou la séquence d'un fragment du gène *rpoB* de ladite bactérie comprenant lesdites séquences n° 8 à 35 et séquences complémentaires selon l'invention, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon si la séquence du fragment obtenue est identique à la séquence connue du genre ou du fragment de gène *rpoB* de ladite bactérie.

La présente invention a également pour objet une trousse de diagnostic utile dans un procédé selon l'invention comprenant au moins un dit oligonucléotide consistant dans les séquences SEQ.ID. n° 8 à 35 ou un dit oligonucléotide ou mélange d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans une des séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, et/ou au moins un dit fragment de gène *rpoB* d'une dite bactérie comprenant les séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, et les séquences complémentaires selon l'invention.

Un oligonucléotide selon l'invention peut aussi être utilisé à titre de sonde de thérapie génique pour traiter les infections provoquées par une souche appartenant à une espèce du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés, ladite sonde comprenant un oligonucléotide tel que défini précédemment. Cette sonde de thérapie génique, capable de s'hybrider sur l'ARN messager et/ou sur l'ADN génomique desdites bactéries, peut bloquer les phénomènes de traduction et/ou transcription et/ou de réplication.

Le principe des méthodes de thérapie génique est connu et repose notamment sur l'utilisation d'une sonde correspondant à un brin anti-sens : la formation d'un hybride entre la sonde et le brin sens est capable de perturber au moins l'une des étapes du décryptage de l'information génétique. Les sondes de thérapie génique sont donc utilisables comme médicaments antibactériens, permettant de lutter contre les infections causées par les bactéries des espèces du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

L'invention sera mieux comprise à l'aide de l'exposé ci-après, divisé en exemples, qui concernent des expériences effectuées dans le but de réaliser l'invention et qui sont données à titre purement illustratif.

La figure 1 représente la visualisation des produits d'amplification par 5 coloration au bromure d'éthidium après électrophorèse sur un gel d'agarose obtenu à l'exemple 3.

Exemple 1. Séquence du gène *rpoB* de trois espèces du genre *Streptococcus* et 10 genre apparenté : *Abiotrophia defectiva*, *Streptococcus anginosus* et *Streptococcus equinus*.

La séquence complète du gène *rpoB* des bactéries des espèces *Abiotrophia defectiva*, *Streptococcus anginosus* et *Streptococcus equinus* a été déterminée par amplification enzymatique et séquençage automatique disponible chez les Streptocoques. Le choix de ces espèces a été basé sur 15 l'analyse de l'arbre 16S qui montre une divergence génétique couvrant l'ensemble de l'arbre phylogénétique des streptocoques.

Stratégie et Séquençage :

Plusieurs séquences partielles de 510 pb de gènes *rpoB* sont disponibles sur GenBank pour les 10 espèces de streptocoques suivantes : *Streptococcus intermedius*, *Streptococcus sanguinis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus parasanguinis*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus cristalus*, *Streptococcus constallatus*, *Streptococcus anginosus* et *Granulicatella adjacens*. [Majewski,J., Zawadzki,P., Pickerill,P., Cohan,F.M. and Dowson,C.G. Barriers to genetic exchange between bacterial species: 20 *Streptococcus pneumoniae* transformation.J. Bacteriol. 182, 1016-1023 (2000)], mais les amores utilisées par ces auteurs n'amplifient qu'une fraction des espèces du genre *Streptococcus* et il n'a donc pas été possible de mener à bien notre travail sur la base de ces seules données. Il a donc fallu déterminer des amores capables d'amplifier l'ensemble des souches de streptocoques, 25 enterocoques, *Abiotrophia*, *Gemella*, et *Granulicatella*. Ces amores devaient en outre encadrer une région présentant une diversité génétique suffisante pour permettre de distinguer deux espèces entre elles. Cependant, l'alignement de 30 ces séquences partielles publiées a permis de déterminer les amores

communes suivantes : (la numération se réfère à la séquence complète du *Streptococcus. pyogenes*)

SEQ ID N° 36 : 5'- AGACGGACCTTCTATGGAAAA -3' (amorce 748F) ,

SEQ ID N° 37 : 5'- GGACACATACGACCATAGTG -3' (amorce 116R), et

5 SIQ N° 38 : 5'- GTTGTAACCTTCCCAWGTTCAT -3' (amorce 830R).

Ces amorces ont permis de séquencer la partie centrale du gène *rpoB* de 714pb pour les cinq espèces choisies (*Streptococcus equinus*, *Streptococcus mutans*, *Streptococcus anginosus*, *Enterococcus faecalis*, et *Abiotrophia defectiva* A partir de ce fragment central, le séquençage a été poursuivi par la

10 technique dite du génome Walker.

En dehors de cette zone publiée [Majewski,J., et al. J. Bacteriol. 2002, 182, 1016-1023], l'alignement des deux séquences complètes disponibles dans GenBank (*Streptococcus pneumoniae* [GenBank numéro d'accès AE008542] et *Streptococcus pyogenes* [GenBank numéro d'accès AE006480] ont permis de

15 choisir les amorces suivantes :

- SEQ ID N° 39 : 5'- GTCTTCWTGGGYGATTTCCC -3' (amorce 2215R),

- SEQ ID N° 40 : 5'- ACCGTGGIGCWTGGTTRGAAT -3' (amorce 2057R),

- SEQ ID N° 41 : 5'- AACCAATTCCGYATYGGTYT -3'(amorce 1252R),

- SEQ ID N° 42 : 5'- AGIGGGTTAACATGATGTC -3'(amorce 371F),

20 - SEQ ID N° 43 : 5'- AGIGCCCAACCTCCATCTC -3'(amorce 730F), et

- SEQ ID N° 44 : 5'- CTCCAAGTGAACAGATGTGTA -3'(amorce 585R).

Ces amorces ont permis d'étendre la région séquencée pour certaines des cinq souches choisies. De façon tout à fait inattendue, *E. faecalis* n'est pas amplifiée par ces amorces ; mais on a observé que la zone partielle séquencée présentait

25 une homologie avec le gène *rpoB* de *Listeria monocytogenes*, c'est à dire avec une bactérie appartenant à un genre bactérien différent ce qui ne pouvait absolument pas être déduit des données existantes, on a donc choisi des amorces dans le gène *rpoB* de *Listeria* pour amplifier le gène *rpoB* de *Enterococcus faecalis*.

30 - SEQ ID N°45 : 5'- TTACCAAACTTAATTGAGATTCAAAC- 3' (amorce 180F)

- SEQ ID N°46 : 5'- AGTATTTATGGGTGATTCCCA- 3' (amorce 410F)

- SEQ ID N°47 : 5'- GGACGTTATAAAATCAACAAAAAATT- 3' (amorce 910F)

- SEQ ID N°48 : 5'- AGTTATAACCATCCCAAGTCATG- 3' (amorce 2430R)

- SEQ ID N°49 : 5'- TGAAGTTTATCATCAACCATGTG- 3' (amorce 3280R)
- SEQ ID N°50 : 5'- CCCAAAACGTTGTCCACC- 3' (amorce 3360R)

Les séquences partielles ainsi obtenues pour les cinq souches choisies (*Streptococcus equinus*, *Streptococcus mutans*, *Streptococcus anginosus*, 5 *Enterococcus faecalis*, *Abiotrophia defectiva*) ont permis de choisir les amorces suivantes :

- SEQ ID N°51 : 5'- AACCAAGCYCGGTTAGGRAT -3' (amorce 520R)
- SEQ ID N°52 : 5'- ATGTTGAACCCACTIGGGGTGCCAT -3' (amorce 2881F) pour le séquençage des zones C- et N- terminales par Génome Walker.

10 Le séquençage est alors complet, comme en témoignent la détermination de la région codante, et l'alignement des protéines traduites des séquences nucléotidiques avec les deux protéines RpoB publiées de *Streptococcus pneumoniae* et *Streptococcus pyogenes*.

15 Plusieurs amorces consensus potentielles ont fait l'objet d'investigations pour obtenir un fragment susceptible de conduire à la séquence complète des gènes *rpoB* par élongations successives à partir d'une série d'amorces spécifiques.

20 Dans chacune des étapes ci-dessus, un grand nombre de tentatives avec des amorces théoriquement ou potentiellement appropriées ont échoué avant de déterminer les amorces mentionnées ci-dessus pour permettre d'amplifier et de séquencer par étapes successives la totalité des gènes *rpoB* décrite ci-après.

25 Les réactions de séquençage ont été réalisées en utilisant les réactifs du kit ABI Prism dRhodamine Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Perkin Elmer Applied Biosystems) selon les recommandations du fournisseur suivant le programme suivant : 30 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 10 sec., une étape d'hybridation de l'amorce à 50°C pendant 10 sec. et une étape d'extension à 60°C pendant 2 minutes. Les produits de séquençage ont été séparés par électrophorèse sur un gel de polyacrylamide sur un séquenceur 377 DNA Sequencer (Perkin) et analysés pour former des 30 séquences consensus par le logiciel Sequence Assembler (Applied Biosystems).

Cette approche nous a permis de déterminer la séquence complète du gène *rpoB* chez deux espèces du genre *Streptococcus* et chez *Abiotrophia defectiva* :

SEQ.ID. n°1 : Séquence du gène *rpoB* de *Streptococcus anginosus*. Cette séquence mesure 4.495 paires de bases , possède un contenu en cytosine plus guanosine de 41 % et est déposée dans GenBank sous le numéro d'accesion AF 535183 :

5 5'-TCATACTTTAGAGTCAGATTTAGCTGCTTTGCGCTGTTGGGATTTGCGTTGTC
CATCAAAATTAAAGATTCTGAAAATTACTCAAAAAGGATAATGAAAATTGCTACTCTATTCCA
TTAATAGAGAATGTAGAAGAAGAAGGAGTAAAAACTGGCAGGACATGAAGTTCAATACGGG
AAACACCGTACTCGCTAGTTCAAGAATCAAGGAAGTCTTGATTTACCAATTGATTG
AAATCCAGAGGATTGTTCAAAGATTCTGACCATGGTTGAAGAAGTATTGAAGATGTA
10 CTTCCATCTCAAACCTTACAGATACAATGGAGCTAGAGTTGTTGGTTATGAAATTAAAGGAT
CTAAATACACTTAAAGAAGAAGCACGTATCCATGATGCCAGCTATTCTGCACCTATTTGAC
TTTCCGTTGATTAATAAAAGAAACTGGTAAATCAAAACCCAAAGAAGTGTCTTGCGCATTTC
CCAATCATGACAGAAATGGGAACTTTCATTATCAATGGTGGTGAGCGGATTATCGTATCTCAGC
TCGTCGTTCTCCAGGTGTTACTTCAACGATAAGTAGACAAAAATGTAAGTTGGTTATGG
15 TTCAACTGTCATTCTAACCGTGGAGCTGGTTAGAGCTGGAAACAGACTCAAAAGATATTGCT
TATACTCGGATGACCGTACTCGTAAGATTCCGTTACGACACTTGTTCGTCGCGCTGGTTTT
CTGGCGATGATGAAATCTTGACATTTCGGCGACAGCGATCTCGTTCGCAACACGATTGAAAA
GGATATTCAATAAAATCCAATGGATTACGTACGGATGAAGCGCTAAAGAAATCTATGAACGT
CTTCGTCAGGTGAGCCTAAAACAGCTGATAGTTACCGTAGTCTATTGGTCGCTCGTTCTTG
20 ATCCACATCGTTACGACTTGGGGAGTTGGTGTATAAAATCAATAAAATTAACATTAA
AACACGTTGTTAAATCAAACGATTGCAAGGCTTGGTAGATCCAGAAACAGGTGAAATCTG
GTTGAAGCTGGAACGGTTATGACCGTAGTGTCAATTGATAGCATTGCAAGAATACTGGACGGTG
ATTGAAATAAAATCACTTATATTCCAATGATGCACTGTGTTAACAGAGCCAGTTGGTCTTCA
AAAATTCAAAGTGGTGGCGCAACTGATCCAGATCGTGTGGTGACTTATTGGTAATGCCAAC
25 CCAGGAGATCGAGTTCATACGATTACGCCAGAGATATTGGCTGAGATGAATTACTCTTGA
ACCTCGCTGAAGGACTTGGTCGTGGACGATATTGACCACTTGGGAAATCGTCGGATTGTC
CGTGGTGAATTGCTTGCCTACCAAGTACGCTTGGCTGTCTGATGGAGCGAACGTTCGG
GAGCGCATGAGTGTGCAAGATAATGAAGTGTGACACCGCAACAAATCATCCGCCAG
TCACAGCAGCTATCAAAGAATTCTTGGTTCATCTCAATTGTCATTTATGGACCAACATAA
30 TCCACTGTCGAAATTGTCACAAACGCCATTGTCAGGCTTGGGACCTGGGGTTGACTCGT
GATCGTGTGGATATGAAGTGCCTGACGTGCACTATACCCACTATGGTGTATGTGTCGATTG
AAACGCCCTGAAGGACCAAAACATCGGTTGATCAATAACTTGTCTTATGGACACTTGAATAA
ATATGGCTTTATCAAACGCCGTATCGTAAAGTGGATCGTAAACAGGTCTGGTACCAATGAA
ATCGTTGGCTGACAGCGGACGAAGAAGATGAATTATCGTAGCGCAAGCAAATTCTAAATTAA
35 CAGAAGATGGTCGTTTGCAGAAGCGATTGTCATGGGACGTCACCAAGGGAAACAACCAAGAATT
TCCTTCAGATCAAGTAGACTTCATGGATGATCGCCTAACCGTGTCTCATGGGTGCCAACATGCAACGTC
TGTATTCTTCTTGAAAACGACGACTCAAACCGTGTCTCATGGGTGCCAACATGCAACGTC
AGGCGGTACCGTTGATTGATCCCATGCAACCATATGTTGGTACTGGTATGGAATACCAAGCAGC
TCATGACTCTGGTGCAGCGATTATTGCCAACACGACGGTAAAGTTGATATTCTGATGCAAGCC
40 AAAGTTGAAGTTGTCGTGAAGATGGCTACTTGATGTCATCATATTACGAAATTCCGCCATT
CAAACCTGGTACTTCTTACAACCAACGTACGCTGGTAAAGTTGGCGATACAGTTGAAAAAGG
TGACTTTATGCCAGACGGACCTTCTATGGAAAAGGTGAAATGGCACTTGGACAAAATCCAATC
GTTGCTTATATGACATGGGAAGGTTACAACTTGAAGATGCCGTTATCATGAGTGAAGCGTTAG
TGAAAGACGATGTTACACATCTGTCACTTGGAGGAATTGAATCAGAAACACGTGATACAAA STRF
45 GCTTGGACCTGAAGAAATCACGCCGAAATTCCAACCGTGGTGAAGATGCTTGGAGAGACCTT
GACGAAACGGGAATTATCCGCATTGGTGTGAGGTAAAAGAAGGGGACATTCTGTCGGTAAAG
TAACACCGAAAGGTGAAAAGACTTATCTGTCGAAGAACGCCCTGCTTCAATGCAATTTCGGTGA
TAAATCTGTCGAAGTACGTGATACTTCCCTCGTGTACCATGGTGGTGAGGGGTTGTCGTT
GATGTGAAAATCTTACTCGTCGAACGGTGTGATGAATTGCAATCTGGTGTCAACATGTTGGTAC
50 GTGTTTACATCGCTAAAAACGGAAAATCCGTGTTGGGATAAGATGGCTGGACGTCACGGAAA
CAAAGGGTTGTTCCCGCATTGTCAGTTGAGGATATGCCGTATCTCCAGATGGAAACACCA
GTTGATATTATGTTGAACCCACTTGGGGTGCATCTGATGAATTATGGTCAAGTTATGGAGC
TTCACCTGGTATGGCTGCTGCAACCTTGGCATTCACTTGAACACCCAGTATTGACGGGGC
TAGCTCAGATGATCTTGGAAACCGTTGCAAGCTGGCATGGATAGCGATGCTAAGACAATC
55 CTTTATGATGCCGTACTGGTGAAGCCATTGATAATCGTGTATCCGTTGGTGTATGTACATGA
TCAAACTCCACCATATGGTGTGATGATAAGCTCCATGCCGTTGGTGTCTTATTCAACCGT STRR
TACGCAACACCTTGGTGGTAAAGCGCAGTTGGACAAACGTTGGAGAAATGGAAGTT

5 TGGGCTCTTGAAGCCTACGGTGCTTCTAACGTCTTCAAGAAATCTGACTACAAGTCAGATG
 ACATCAATGGTCGTTGAGAGCTTATGAAGCCATTACCAAAGGTAAGCCAATTCCAAACCAAGG
 TGTTCCAGAATCCTTCCGTGCTTGTAAAAGAATTGCAATCACTTGGTCTTGACATGCGTGTC
 CTTGATGAAGACGACAATGAAGTCAACTTGTGACTTGGACGAAGGCATGGATGATGTGA
 10 TTCATGTAGACGATCTTGAAAAAGCACGTGAAAAAGCAGCACAAGAAGCAGAAAGCCGCTTTGA
 TGCTGAAGGAAAGAATAAGAACTGATTCAATAGATAATAAAGAAAGGTAAGAAATAGTGGTTG
 ATGTAAATCGTTTCAAAGTATGCAAATCACCCTAGCTCTCCTAGTAAAGTCCGCTCTGGTC
 TTATGGAGAAGTGAAGAAACCTGAAACAATTAACTACCGCACACTAAAACCAGAACGCGAAGGG
 15 CTTTTGATGAAGTCATTTGGTCTACGAAAGACTGGGAATGTGCGTGTGGAAAATATAAAC
 GGATTCGTTATAAAGGAATCATTTGTGACCGTTGTGGTGAAGTAACTCGTAACAAAGTCG
 TCGTGAACGTATGGGACATATTGAGTTGAAAGCCCCAGTCCTCATATTGGTATTTAAAGG
 AATTCCAANTCGCATGGGCTTGACCTTGGACATGAGCCCTCGTGTCTGAAGAAGTCATNTAN
 TTTGCAGCTTATGTGGTGANGTGACCTAAAGATAACNCCACTTGAGCACAAATCCATTATGACAG
 20 AGCAGGGATGGTTNGTGAACGCTGACNTGAATATGCCAAGGCTTTGTTGCAAAAATGGGTG
 YTGAAGCAATCCAAGATCTNNTGAAACANGTAGACCTGGAAAAGAAATTGAGAGCTCAAAGA
 TGAATTAAAACGGCAAGTGGGAAAAGCGCGTAAAMGCTAANTCGTCGNTNNGACTCTTTC
 GATNCTTCCAAAATCATGGTACACAAACAGAACTGGATGGTCTTAAACCACNTNTCACC
 GCTCATTCCAGACAC -3'

20 SEQ ID N°2: Séquence du gène *rpoB* de *Streptococcus equinus*. Cette séquence mesure 4.116 paires de bases et possède un contenu en cytosine plus guanosine de 41 % est déposée dans GenBank sous le numéro GenBank accession AF 535187:

25 5' -CACGGCTGGTCGACGGCCGGCTGGTGAATTGTCTAAAGTTGTAGTAGTAAATTCCCTTAT
 CAGTGTGATGCATGAGCTATAAATAGTGTACTCATATTGCCACTTCATCGACATAGCAAAG
 TCCTTTTGTGTTCAACGGATTTAAAATGTGGAAGAATTGATTAACACTGCTTCTTGTT
 TCTTCAGCCACAGAATTAAATTGTAAAAGTAACCTTACATAACGTGACATTGATGATAAAAT
 CACCAAGGCAAGCCAAGTCCACCCATGCCACGGCTATAAGTTCAAGTTCTAACTCTTAGCAAA
 ACGATTTCCTGAAACCTTGGAGATAGATGACGATAGTTATTCAAATTGAAATAATTGTTATCA
 30 AAAGTTGGATTATTAGTCAAAACACCTGTTGAGTTATTGTTAAACTTATAGGGCACCGTGGTC
 GACGGCCCGGGCTGGTAAAGACTTCTTGGATAACGGATAAMAGAAGTTTTGAAGATGTACTT
 CCGATTACAAACTTACGGATACTATGGAGCTTGAATTGTTGGTTACGAATTGAAAGAGCCTA
 AGTATACGCTTGAAGAAGCTCGTATCCACGATGCATCTTATTACGACCTATTGGTAAACCTT
 35 CCGTTGATTAATAAAGAAACAGGAGAAATCAAAACTCAAGAAGTTTCTTGGTGATTCCCA
 ATTATGACTGAAATGGTACATTACATCAACGGTGGTGAACGTATTATCGTTCTCAGTTGG
 TTCGTTCTCCTGGTATTCAACGATAAAAGTTGATAAAAACGGTAAAGTTGGTTACGGTTC
 AACTGTAATCCCTAACCGTGGAGCATGGCTGAATTAGAAACAGATTCAAAGATATTGCTTAC
 ACACGTTACGACCGTACACGTAAAATTCCATTACAACCTCTTGTACGTGCGCTGGTTCTCAG
 GTGATGATGAAATCATGGATATCTTGGTATAGCGAACCTGTTCTAACACAATCGAAAAGA
 40 TATTACAAAAACCCAGCAGACTCACGTACTGACGAAGCTTAAAGAAATTACGAACGCCTT
 CGTCAGGTGAACCAAAACAGCTGATAGCTCACGTAGCTGTTGTTAGCTCGTTCTTGACC
 CACGTGTTATGACTTGGCAGCTGTTGGCTTACAAAATCAACAAAAACTTAACATCAAGAC
 TCGTCTTGAACCAACATCGTAAAACCTGGTGTGCTGAAACTGGTAAATCCTTGGT
 GAAGCTGGTACAGTAAATGACACGTGACGTGATTCAATCGCTGATCAATTGGATGGTGGACC
 45 TTAACAAATTGTTACACACCAAATGATTACGCTGTTGTCACTGAACCTGTTGTTCTTCAAA
 ATTCAAAGTTGGTGCACCAAACGATCCAGACCCGCTTACAATCGTGGTAACGCAAATCCT
 GATGACAAAGCCGTGCGCTTACACAGCTGATATCTGGCAGAAATGTTACTTCCTTAACC
 TTGCTGAAGGCTAGGTAAGTTGATGATATCGACCACTTGGGAATCGTGTATTGCGCCGT
 TGGTGAATTGCTTCTAACCAATTCCGTATTGGTCTTGCTGCTGATGGAACGTAACGTTGGGAA
 50 CGTATGTCAGTCAAGACAAACGAAGTGTGACACCACAACAAATCATCAACATTGTCCTGTTA
 CTGCAGCCGTTAAAGAATTCTCGGTTACACAGCTGATATCTGGCAGACATGGACCAACACAACCC
 ACTTCTGAGTTGCTCACAAACGTCGTTGTCAGCCTTAGGACCTGGTGGTTGACTCGTGAC
 CGTGCCTGGTATGAAAGTTCGTGACGTGCACTACACTCACTATGGTGTATGTTGACTCGTGAC
 CTCCTGAAGGACCTAACATCGGTTGATCAATAACTGTCAACATACGGACACCTTAATAAATA
 TGGTTTCATCCAAACACCATATCGTAAAGTTGACCGCGCTACAGGGTGTGATTACAAACGAAATC
 GTTGGTTGACTGCCGATGAAGAAGATGAATACACAGTAGCACAGGCTAACTCAAAACTTAACG

5' AAGATGGAACATTTGCTGAAGACATCGTTATGGGACGTACCAAGGTAAATAACCAAGAGTTCCC
 AGCAAGCGTTGTTGACTTCGTAGACGTTCACCTAAACAAGTAGTTGCCGTGCGACAGCATGT
 ATTCCCTTCTTGAAAACGATGACTCTAACCGGCCCTATGGGTGCCAACATGCAACGTCAAG
 CGGTGCCATTGATTGATCCACACGCCACCATATGGGTACTGGTATGGAATATCAAGCAGGCCA
 CGACTCAGGTGCTGCAGTTATCGCTAAACACGATGGACGCCGTATCTCTCTGATGCTGAAAAAA
 GTTGAAGTCGTCGCGAAGATGGTTCACTTGATGTTACCCACATTACTAAATTCCGTCGTTCTA
 ACTCAGGTACAGCTTATAACCAACATACACTTGTAAAGTGGCGATATGTTGAAAAGGTGA
 CTTCATCGTGTGGCTTCAATGAAAAAGGTGAAATGGCCCTTGGTCAAACACCCAACTGTC
 GCTTACATGACTTGGGATGGTTATAACTATGAAGATGCCATCATCTGAGTGAACGTCTGTTA
 10 AAGAAAGATGTTATACATCAGTTCACTTGGAAAGAATTGAAATCAGAAACACGTGATACTAAGTT STRF
 AGGCCCTGAAGAAATCACTCGCGAAATTCAAACACGTTGGTGAAGAAGCTTAAAGACCTTGAC
 GAAATGGGTATTATCCGTATGGTGTGAAGTTAAAGAAGGTGACATCCTGTAGGTAAAGTAA
 CACCTAAAGGTGAAAAGACCTTCTGCTGAAGAGCGCCCTTCAACGCAATCTCGGTGATAAA
 ATCACGTGAAGTTCGATACATCACTCGTGTACACACGGTGGAGATGGTGTGTTGAC
 15 GTTAAAATCTTACACGTGCAAACGGTGTGATTACAATCAGGTGTTAACATGCTCGTTCGTG
 TTTATATCGCACAAAACGTTAAAGTCAAAGTCGGAGATAAAATGGCCGGTCGTACGGTAACAA
 AGGGGTTGTTCTCGTGTGTTCCAGTTGAAGACATGCCCTATCTTCCAGACGGAACCTCAGTC
 GATATCATGTTGAAACCCACTGGGGTGCCTCTGTTACGCAATCTCGGTGATAAA
 ACCTTGGTATGGCTCGTAACTGGTATTACGCAACACCAAGTCTTGATGGGCAAC
 20 TTCTGAAGACCTTGGGATACAGTTAACGAAGCTGGTATGGCTAGCGACGCTAACACAGTTCTT
 TACGATGGACGTACTGGTGAACCATTTGATAACCGTGTGTCAGTTGGTGTATGTACATGATTA
 AACTTCACCACATGGTTGATGATAAAACTTCACGCACGTTCACTGGTCTTACTCACTTGTAC STRR
 GCAACAAACCTCTTGGTGGTAAAGCACAATTGGTGGACAAACGTTGGTGAATGGAAGTTGG
 GCTTGGAAAGCTTACGGTCATCAAATGTTCTCAAGAAATCTTGACTTACAAATCAGATGATG
 25 TCAACGGTCGTTAAAGCTTATGAAGCCATCACTAAAGGTAACCAATTCCAAAACAGGTGT
 TCCAGAATCATCCGAGTTCTGTAAAAGAATTGCAATCACTTGGTCTTGCATGCGCGTGCCT
 GATGAAGATGACAATGAAGTAGAACCTCGTGTGATGAAAGGTGAAGATGACGATGTTATGC
 ACGTTGATGATCTGAAAAAGCTCGTAAAACAAGAAGCAGAAGAAGCGGAAAAGCAGAAGT
 TTCTGCAGAAGAAAACAATAATAGGAAAGAACATTGAGACATGAGAGAGGCAAGACCTGCTTC
 30 TCTTGGTCAGATTGTTGATTGAGTCCTATAACGATAAAATGATGCTTACGAATCATGAATTG
 TAAGTCATGACAGTTAGAAAGTAGCGCAGCTATTCAAAGTCATAAGAAGGTATCATGGTACG
 TAATCGTTACAGCCGGCGTC -3'

SEQ ID N°3 : Séquence du gène *rpoB* d'*Abiotrophia defectiva*. Cette séquence
 35 mesure 3392 paires de bases, possède un contenu en cytosine plus guanosine
 de 47 %, et est déposée dans GenBank sous le numéro AF 535173 :

5' -ATATAGGGCACCGCGTGGTCGACGGCCGGCTGGTCTAAACAAACATGTAACGTCACTCCGATG
 AGTTGGTTCTGTTGCTTTTTTTCGCTTCAAAGACCGAAAAATGTCATTGTCACAAATTAT
 TAATAATTGTAACCTTAATGTAAGTGGTGTCTTAGATTATATTAGGGGTGAATCGCTTGA
 40 GTCATATCGTAAACCGTAAAAAGCTGAGCGTCGAAGCTATGCGCGTATCGACGAAGTCTT
 AGAGTTGCCGAACCTGATTGAAATCCAAACGGATTCCCTACAAATGGTTCTGGATGAAGGGCTA
 AAAGTGATGTTGAGGACATTGCGCGATTGTCGACCATTGGAGAACCTGGAACCTTCATTGG
 TAGACTATGAGTTCAAGGAAGCTAAGTATAGCTTAGAAGAAGCTCGTAGCCATGACGCTAACTA
 CTCAAAACCAATCTATGTAACCTTGCCTGTTCAACAAAGAGACAGGTGAAGTCAAAGAACAA
 45 GAAGTCTTCTCGGGGACTTCCAATCATGACCGAAATGGGACCTTCATTATCAACGGGGCGG
 AACGGGTTATCGTTCCACAGTTGGTACGTTCTCCAGGGTGTCTACTTCCACGACCGTATGGACAA
 GAAAGGCCAACAGCTATACTTCACGGTTATTCTAACCGTGGGGCTTGGTGGAAATTGAA
 TCAGATGCTAAGGGATTGCTACGTCCGCATTGACCGGACCGGAAGATTCCATTGACTGTC
 TGATGCGTGCCTTAGGTTGGTTCAGATGACGAGATTATGATATCTCGGCCAATCTGAGCT
 50 CTTAGACTTAACATATCGAGAAGGATGTTCACAAAAACATTCAAGACTCTCGTACGGAAAGGCC
 TTGAAGGACATTACGAGCGTCTCCCGTCCAGGTGAACCTAACGACCCGAGAAAGCTCACGTAACC
 TCTTGGTTGCCGCTTCTCGACCCACGTCGCTATGACTTAGCACCTGTAGGTCGTTATAAGAT
 CAATAAAAAGCTCCACCTCAAGAACCGTTGGCTTGACTTGGCTGAAACCTTGGTTAAC
 CCAGAAACAGGCGAAGTGTCTTTGAAGAAGGAACGGTCTGGATCAAGAACGTGTTCAAGCCC
 55 TGATTCCATACTTAGAGGCTGGCTGAATAAGGTAAACCTCTATCCTTCTGAAGATAGTGTGGT
 AGCTCAACCAATTGATTACAAATCATCAAAGTTATTACACCTAAGAACGCCAGCAAGTGATT
 AACATCATCGGTAACGGGAACATTGAGAAGATTGAGTGCCTGACGCCAGCTGACATTATTGCGT

CAATGAACACTATCTATTTAGACCAAGGAATTGGTGTGACAGATGATATCGACCACCTGGC
 TAACCGTGTATTGTTCAAGTCGGTGAATTATTGCAAAACCAATTCCGTATCGGGCTATCCCGG
 ATGGAACGGGTAGTCGGTGAACGTATGTCGCTCCAAGATGTTGCGACCACACCGCAACAAT
 TGATTAACATTGTCAGTAGTGGGGCTATTAAGGAATTCTCGGTTCATCCCAGTTGTACAG
 5 ATTCATGGACCAAGTTAACCCACTCGGGATTGACCCACAAACGTCGTCTGTCAGCCTTAGGG
 CCTGGTGGTTGACGGGACCGTGGCGCTATGAAGTGCAGGACGTTCACTACTCTCACTACG
 GCGTATGTGTCCAATCGAGACGCCAGAAGGTCTAACATGGGGTGATTAACAGCTTGTCTC
 TTATGCCAAGATTAACAAGTATGGTTATTGAGACGCCAACCGTAAAGTGGACAAATCGGTT
 ACGCCACACCGTGTACGACCGAAATTGACTACCTAGCAGCGGACGAGGAAGACTTGTACGTAG
 10 TAGCCCAAGCCAACCTAAACTCAACGAAGACGGGACCTTCGCCAACGACCTAGTTATGGCGCG
 TTTCCGTTCACAAAACATTGAGGTTAACGTTGACCAAGTAGACTACATGGACGTATGCCAAAA
 CAGGTTGTCGCTGCGACTGCTAGCATTCCGTTCTGGAAAACGACGACTCCAACCGGGCT
 TGATGGGTGCAACATGCAACGTCAGCTGCAACTTAAATCCACAATCCCACGTGATTGG
 GACTGGGATGGAATATAAGGAGCACACGACTCTGGGCTGCGCTTATGTAAGCGGCCGGT
 15 GAAGTGGTTATGTCATGCTAACAGGTGCGGTGCGCACTCCAGAAGGTGAAGTTGACGAAT
 ACCGTTAACCAAGTTGACGTTCTAACGCTGGGACCTGTTACAACCAACGTCATCGTACA
 ATTAGGCACCAAGTTGATGCCCTGGAAATCTTAGCAGATGGTCATCTATGCAAAATGGGAG STRF
 ATGCCCTCGTCAAAACCCACTGGTAGCCTCATGACTTGGGAAGGGTATAACTATGAGGACG
 CGGTATCATGCTGAAACGTCTGGTCAAAGACGATGTTATACCTATCCACATTGAGAATA
 20 TGAATCAGAGTCCCGTGAAYACAYAAGTTAGGCCCTGAAGAAATTACACGCGAAATTCCAACGTG
 TCCGAAGATGCCCTCAAGTACTTAGACAAAGACGGGATTATCTGTATCGGGCGGAAGTAAAAG
 ACGCGATATCTTAGTTGGTAAGGTAAACACCAAAAGGTGTGACCGAGTTGTCGCGGAAGAACG
 CTTGCTCCATGCTATCTCGGTGAGAAGGCGGTGAAGTACGTGATACTTCCATTGCGTGTGCCA
 25 CACGGCGGGGGGGGATGTCCACGACGTTAAATCTTACCCGCGAAGCTGGCGACGAATTGG
 TAAGATGGCGGTGTCACGGTAACAAAGGGTTGTCTCCCTTATCATGCCGAAGAAGATATG
 CCATTCTTACCAAGATGGTACCCAGTTGATATCATGTTGAACCCATTAGGGTTCCATTCCGTA
 TGAAACATCGGCAAGTCTAGAGTACACTTGGGATGGCTGCTCGCGAAATGGGATCAAGAT
 TGCAACACCTGTCTTGACGGTCTAGTGAAGAAGATGTCGGAAACAGTTAAGGAAGCCGGC
 30 TTAGAACGCTGACGCTAACACTATCTTATATGATGGTCGAACCGGTGAACCATTTGACCGTAAAG
 TCTCTGTTGGGTTATGTACATGATTAAGTTGGCCACATGGTCGATGACAAGTTGACGCCGG STRR
 TTCAACAGGTCCATACTCTGGTTACCCAAACAACCATTGGTGGTAAAGCTCAATTGGTGGG
 CAACGTTCGGGGAGATGGAGGTTGGCCCTA -3'

35 SEQ ID N°4 : Séquence partielle du gène *rpoB* de *Streptococcus mutans*. Cette
 séquence mesure 3198 paires de bases, elle possède un contenu en cytosine
 plus guanosine de 42 %, et est déposée dans GenBank sous le numéro AF
 535167.

40 5' -GGACCCTTTATGACTTCTGGATACAGGTCTGAAGGAAGTTTGAGATGTGCTCCAATT
 CCAATTTCACAGACACTATGAAATTAGAGTTGGGTTATGAGTTGAAAGAGCCTAACGTTAC
 ATTGGAAGAACGACGTGCTCATGATGACATTATTCTGCCCTCATTTGTTACTTCCGTCTC
 ATCAATAAAAGAAACTGGTGAATTAAAGACACAAGAAGTATTTGGTGAATTCCATTGATGA
 CTGAAATGGGTACTTTATTAAAGGTGCTGAACGTATTATCGTTCTCAGTTGGTACGTT
 ACCAGGTTTATTAAAGTGGATAAAAATGGAAATTGGCTATGGTCAACTGTT
 45 ATCCCTAACCGGGTCTGGCTTGGAGCTTGAACGGACTCTAACGGATATTGCTTATACCGTA
 TTGATCGTACTCGTAAATTCTTTACGACGCTGGTCTGTGCACTCGGTTTCCGGGATGA
 TGAGATTATTGATATTGGTGAAGCGAATTGGTCGTAATACCATTGAAAAAGATATCCAT
 AAAATCTAACGACTCTCGTACAGATGAAGCTCTCAAGGAANTTATGAAACGTCTCGCCGG
 50 TGAACCTAACCGGCAGATTCTCACGCAGTCTGATTGACGTTCTGATTCACGTTCTTGTGCGCGCCGT
 TATGATTAGCAGCTGTTGGCGCTATAGATAATAAGAAGTTAACGTCAAACGGGTCTTGAA
 TCAAGTCATTGGCTGAAANNAGTAGATCTGAAACAGGGAAATTCTTGTGAAAGCTGGGACT
 GAAATGACACGCAGTGTATTGATTGACGATTATCTTGATGGAGATCTCAATAAAATTG
 TTTATACGCCAATGAATAACGCTGTTTGACAGAACCTGGTGTCTCAAAATTCAAAGTTAT
 GGCTCCAATGATCCAGACCGCACGGTTACTGTTATTGGTAATGCCAGTCAAGATGACAAAGT
 55 ACGTCACTTGACACCAGCCGATACGTATTAGCTGAAATGTCTTATTCCCTAACGGCTGAGG
 GTNTAGGTAAAGTTGATGATATTGACCATTAGGCAACCGACGTATCGTGTGGTGAATT

GCTTGCTAATCAATTCTGATTGGTTGGCACGTATGGAACGCAATGTCGTGAACGCATGTCC
 5 GTCAGATAATGAAGTCTAACGCCACAACAGATTATTAACATTGCCCTGTAACAGCGGCAA
 TTAAAGAGTTTTGGTTCTCTCAATTGTCACAGTTATGGACCAACACAATCCACTGTCTGA
 ATTGTCCTACATAACGCCGTTGTCAGCTTAGGTCTGGTTAACACGCGACCGTGCTGGT
 10 TATGAAGTCCGTATGTCACTATACGCATTATGGTCATGTGTCATTGAAACGCCTGAAG
 GACCAAAATATTGGATTGATTAATAACTTGTCTCCTATGGTCATCTAATAAAATATGGATTAT
 CCAAACACCATACCGTAAAGTTGACCGTGAGACAGGTAAGTAACCAATGAAATCGAATGGCTT
 ACTGCTGATGAAAGAAGATGAATTCACTGTAGCTCAGGCTAACTCAAAACTCAATGAAGATGGAA STRF
 GCTTGTGAAGAAATCGTATGGACGTCAAGGGATAACCAAGAGTTCCAGCAAGTTC
 15 TGTTGAATATATGGATGTTCTCTAAGCAGGTAGTTGGGTAGCGACAGCATGATTCTTC
 CTTGAAATGATGACTCCAACCGTGCCCTATGGGAGCTAACATGCAAGGCCAGCTGTGCCAT
 TGATTGATCCTAAAGCACCTTGTGGAACGGTATGGAAATATCAAGCAGCCCAGTCTGG
 AGCCGCTATTATCGCTAACATAATGGGAAAGGGTTATTCCGATGCAAGATAAGATTGAAGTT
 CGCCGTGAAGATGGCTACTAGATGTTATCATGTTACCAAATTCCGTCCTAATCTGGAA
 20 CTGCCAACATCAACGTACTTGTAGGGTAGGCATAGTGGTGAAGAAGGGGACTTTATTGC
 AGATGGTCCTCTATGGAAAAGGGTGGAGATGGCTCTGGACAAAATCCAGTGGTGTACATG
 ACTTGGGAGGGTTACAACTTGAAGATGCTGTATCATGAGCGAGCGTCTGTCAAGGATGATG
 TTTATACTCTGTCCATTAGAAGAATTGAAATCTGAAACACTCGTGTACAAAGCTTGGACCTGA
 AGAAAATACGCGTGAATCCAAATGTTGGTGAAGATGCCCTGAAAGACCTGATGAAATGGGA
 25 ATTATTGGCATGGTGTAGGTTAAGAAGGTGATATTCTAGTTGGTAAAGTGAACCTCAAAG
 GAGAAAAAGATCTTCTGAGAAGAACGCCCTTGACGCCATTGGTGAACAAATCACGTGA
 AGTTCGTGATACTCTCGTGTACCTCATGGTGGCGACGGTGTGTTGTGATGTAAGGATGATG
 TTTACACGTGCTAACGGAGATGAACTTCAATCAGGTGTTAACATGCTGGTTCGTGTTATATCG
 CTCAAAACGTAATCAAGGTGGAGATAAGATGGCCGACGCTGGTAAACAAGGGTGTGCT
 30 TTCCCGTATTGTAACAGTGGGAAGATGCCATATCTCCAGATGGAACACCTGTTGATATCATG
 CTTAACCTGGGTGCCATCAGGATGAAACATTGGCAAGTTATGGAACTCCATCTGGTA
 TGGCTGCTGTAATTGGCATTGATGCAACGCCGTCTTGACGGAGCAACTCTGATGA
 TCTTGGGAAACAGTAAAAGAAGCCGGTATGGATTCTGATGCTAAAACGTTCTTATGATGGT
 CGCACAGGGGAGCCGTTGATAATCGTGTATCAGTTGGTGTATGATGTTATGATGAAACTTCACC STRR
 35 ACATGGTTGATGAYAACCAATTGCTATGCAAGWTCAAGTGGCCCTAKTCAAAGWATAMTC
 AGASGARTTCCTGCTWGGTGTAAAGGCTNCAATTGCTTTAGAGGTTAAGGCTGGTGAATAAC
 GGTATGCTGGTATTGATGCAATGGCAAGTGAATANTCAACACGGCCGTACANCGTGC-3'

SEQ ID N°5 : Séquence partielle du gène *rpoB* d'*Enterococcus faecalis*. Cette
 35 séquence mesure 3096 paires de bases, elle possède un contenu en cytosine
 plus guanosine de 42 %, et est déposée dans GenBank sous le numéro AF
 535175

5' -GACCCTTATCAATTGGTTTTAGATGAGGGACTTCGTGAAATGTTGAAGACATTTACCAATT
 GATGATTTCCAAGGAAACTTATCCTTAGAATTGTTGACTATGAAATTAAAAGAACCAAAGTACA
 40 CAGTAGAAGAACGCCGCGACATGATGCCACTATTCTGCCATTACATGTAACATTACGTT
 AACCAACCGTGAAACAGGTGAAATTAAATCCAAAGAAGTCTCTCGGCGATTCCCATTAAATG
 ACAGAAATGGGTACCTCATCATCACACGGGGCAGAACGCGTTATCGTTCCCAATTAGTCGTT
 CTCCAGGTGTTACTTCCATGGAAAAGTGGACAAAACGGCAAAGAAGGTTTGGCTAACAGT
 CATTCTAACCGTGGTGCATGGTTAGAAATGAAACAGATGCGAAAGACATTCTTATGTCGG
 45 ATTGACCGCACACGTAACCTTAACCTGTTAGTGTAGTCGTGCTTAGGTTGGCTCAGATG
 ATACCATCTCGAAATTTCGGCGACAGCGAAAGCTTACGCAACACAATTGAAAAAGATTACA
 CAAAAACGCAAGTGATTCTGTCAGAGAAGAGGCTTGAAGACATTGAAACGTCTCGCCCA
 GGCAGAACAAAAACAGCAGATAGCTCACGTAGCTTGAACCTTGCACTGTTGATCCAAA
 CGTTATGATTGGCAAAACGTTGGTCGCTACAAACTTAACAAAAAATTAGACTAAAAACACGTC
 50 TATTAACCTAACCTTAGCTGAAACGCTAGTGTGATCCAGAAACTGGTGTAAATCATTGTCGAAA
 AAGGCACAGTTAACACACTACATGGAAACATTAAGGCRATACATTGACAAACGGCTTAA
 ACAGCGTAACCTACTATCCAAGTGAAGATGCGGTAGTAACTGAAACCAATGACGATCCAAGTGA
 TCAAGTTCTTCACCAAAAGATCTGAAACGTATCGTAAATGTGATTGGTAACGGCTATCCAGAC
 GACAGCGTAAAACAGTTCGTCAGCAGATATCGTGTGCTCAATGAGCTACTCTTCAACTTAA
 55 TGGAAAGATATCGGTAATGTCGATGACATCGACCACTTAGGTAATCGTCGATCCGTTAGTAGG
 CGAATTATTACAAAACCAATTCCGTATTGGTTAGGCCGTATGGAACGTTGCTCGTGAAGA

ATGTCTATTCAAGACACAGAAACATTGACACCACAAACAATTAAACATCCGTCCAGTGGTAG
 CAAGTATCAAAGAATTCTTGGTCTTCACAGTTATCACAGTTCATGGACCAAACAAACCCATT
 AGGTGAGTTAACCCATAAACGTGCTCTATCAGCCTTAGGGCCTGGTGGTTGACTCGTGTGATCGT
 5 GCCGGTTATGAAAGTTCGTCGACTACTCTCACTATGGTCGTATGTGTCATTGAAACGC
 CTGAGGGACCAAATATCGGGTTGATCAATAGCTTATCTAGTTATGCAAAGTGAATAAATTGG
 TTTCATCGAAACGCCCTATCGCCGTGGTATCGTGCACAGGCCGTGTTACTGATCAAGTAGAT
 10 TACTTAACAGCAGACATCGAAGACCAATTATCGTAGCGCAAGCGAACTCACTTTAAATGAAG
 ATGGCACATTGCCAATGATGTTATGGCGCTACAAAGTAAAACCTAGAAGTTGCCGT
 AGACAAAGTTGACTACATGGACGTTCACCAAAACAAGTAGTCGAGTCGCAACAGCATGTATT STRF
 15 CCTTCTTAGAAAACGATGACTCCAACCGTGCCTGATGGGTGCAACATGCGAGCGTCAAGCGG
 TGCGTGTAAATTCAACCACGCTCCGTGGTAGGTACAGGTATGAAATAAATCAGCCCATGA
 CTCAGGTGCTGCTTACTATGTAACATGACGGTGTCTAGAATTGTCGATGCAAAAGAAAATT
 CGCGTTCGTCGCGACAATGGCGATTAGACAAATATGGTTACAAAATTCCGTCGTTCTAACT
 CAGGAACAAAGCTACAACCAACGCCAATTGTCACCTAGGTGAAAAGGCGATACTT
 20 TACCGGATGGACCTCTATGGAAGAAGCGAAATGGCTTATGGCAAAACGTCTTAGTTGCCTTC
 ATGACATGGGAAGGTACAACCTACGAGGATGCCATTATCATGAGCCGTCGTTAGTTAAAGACG
 ATGTCACACTCTGTGCATATTGAAGAATATGAATCAGAACGACGTGATACAAAATTAGGACC
 TGAAGAAATTACCGTGAAAATTCCAACGTTGGGAAGACGCGTTGAAAGACTTAGACGAAATG
 25 GGGATTATCCGCATTGGTGCTGAAAGATGGCAGCTTACTAGTTGGGAAAGTCACACCTA
 AAGGGGTACAGAATTATCTGCAGAAGAACGTTATTACCGCAATCTCGGGAAAAAGCCCG
 CGAAGTTCGTAACGTCCTCCGTGTACCTCACGGTGGCGCGGTATGTTCATGATGTGAAA
 ATCTTACTCGTGAAGCTGGCGATGAATTATCACCAGGTGTCACATGTTAGTTGCTGTCTATA
 TCGTTCAAAAACGTAACGAGAGATAAAATGGCGGGACGTACCGAAATAAAGGGT
 30 TGTTTCCCGTATTATGCCCGAAGAAGATATGCCATTCTACGCGAACACCTGTTGATATC
 ATGTTGAACCCATTAGGGGTACCTCTCGTATGAATATCGGACAAGTACTTGAATTACACTTAG
 GTATGGCTGCTGCCAATTAGGTATTCACGTCGCAACACCTGTTGATGGGCAACCGATGA
 AGACGTTGGAAACTGTTGTAAGCTGGTATGGCTAGCGATGCTAAAACAGTTCTTACGAT
 GGACGTACAGGTGAACCATTTGATAACCGTATTCGTTGGTGTATGTTGATGATTAATTAG
 CCCACATGGGTGATGACAAATTGCAATGCTCGTTCAATCGGACCTTACTCTTGTACGCAACA STRR
 ACCGTTGGGTCTAAAGCTCAATTCT-3'

Dans les séquences qui précèdent, le nucléotide K désigne T ou G, le nucléotide M désigne A ou C, le nucléotide R désigne A ou G, le nucléotide W désigne A ou T, le nucléotide Y désigne C ou T et le nucléotide N désigne A, T, C ou G.

Exemple 2 : Séquençage partiel du gène *rpoB* de 28 espèces du genre *Streptococcus* et genres apparentés.

A partir de l'alignement des séquences complètes du gènes *rpoB* chez *Streptococcus* spp. et *Abiotrophia defectiva* de l'exemple 1 et celles connues dans GenBank, (*Streptococcus pneumonia* AE008542 et *Streptococcus pyogenes* AE006480) un jeu d'amorces a été choisi pour l'amplification et le séquençage d'un fragment 709 à 740 pb de ce gène chez 28 souches type de ces genres bactériennes. Ces amorces ont pour séquence :

- SEQ ID N°6: 5'-AARYTIGMCCTGAAGAAAT-3'
- 45 - SEQ ID N°7: 5'-TGIARTTTRCATCAACCATGTG-3'

La séquence SEQ ID n° 7 est utilisée à titre d'amorce 3' et représente donc la séquence inverse complémentaire du brin direct représenté dans les séquences SEQ ID n° 1 à 5 qui précédent.

Ces amores sont incorporées avec l'ADN extrait des bactéries dans une 5 PCR selon les conditions suivantes : dénaturation à 95°C pendant 1 min suivie de 35 cycles comportant une étape de dénaturation à 94°C pendant 10 sec, une étape d'hybridation à 52°C pendant 10 sec et une étape d'elongation à 72°C pendant 30 sec.

Les produits amplifiés sont séquencés par les mêmes amores SEQ ID 10 N°6 et SEQ ID N°7 selon les conditions suivantes : dénaturation à 95°C pendant 1 min suivie de 30 cycles comportant une étape de dénaturation à 95°C pendant 30 sec, une étape d'hybridation à 52°C pendant 30 sec et une étape d'hybridation à 62°C pendant 1 min. Les produits de séquençage sont analysés 15 par un séquenceur ABI PRISM 3100.

Les inventeurs ont déterminé la position de ces deux amores SEQ.ID. n° 15 6 et SEQ.ID. n° 7, de façon à respecter les critères suivants :

1- séquence encadrée par ces deux amores spécifiques de l'espèce de la bactérie. Cette condition est vérifiée après alignement des fragments de environ 20 720 pb avec l'ensemble des séquences des gènes bactériens *rpoB* disponibles dans les banques de données informatiques.

2- recherche d'une région d'identification la plus courte possible afin d'augmenter le plus possible la sensibilité de la détection moléculaire

3- la longueur des amores de 18 à 22 pb,

4- séquence des amores présentant une température de fusion voisine,

25 5- séquence des amores ne permettant pas d'auto-hybridation ni de complémentarité.

Les fragments obtenus du gène *rpoB* des bactéries des espèces du genre *Streptococcus* et desdits genres apparentés ont environ 720 (709 à 732) paires de bases et leur séquence est spécifique de chaque espèce de ce genre et 30 permettant donc l'identification moléculaire des bactéries des 28 espèces testées sont :

SEQ.ID. n°8 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus suis* CIP 1032 17^T mesurant 709 paires de bases :

5' – CGCGAAATTCAAACGTTGGTGAAGATGCCCTCGCAACTGGACGAAA
 TGGGGATTATCCGTATTGGTGCCGAAGTTAAAGAGGGCGACATTCTTGTGG
 TAAAGTCACACCAAAAGGTGAAAAAGATCTTCTGCTGAAGAGCGTCTCTGC
 ACGCAATCTCGGTGACAAGTCACGTGAAGTACGTGATAACCTCTCTCGTGT
 5 CCTCACGGTGCCGATGGTGTGTTGATGTGAAAATCTTACTCGTGCCAA
 CGGTGATGAATTGCAATCAGGTGTTAACATGTTGGTCTGTTACATCGCTC
 AAAAACGTAAGATCAAGGTGGAGATAAGATGGCCGGTCTCACGGTAACAA
 GGGTGTGTTACGTATTGTACCTGTTGAGGATATGCCATATCTTCCAGATG
 GAACACCAGTTGACATCATGTTGAACCCACTCGGGTGCCATCACGTATGAAC
 10 ATCGGTCAAGTTATGGAACITCACITGGGTATGGCGGCTCGCAACTGGGCA
 TCCATATCGCAACACCAGTTTCGATGGTGCAAGITCAGAAGACCTCTGGTCA
 ACTGTTAAAGAACGAGGTATGGACTCAGATGCCAAGACCATTCTTACGATGG
 ACGTACAGGTGAACCATTTGACAACCGTGTATGTTGGTGTATGTACATGA
 TCAAGCTTCACCACATGGTTGATGACA – 3'

15

SEQ.ID.n°9 : séquence partielle du gène *rpoB* *Streptococcus sanguinis* CIP
 55.128^T mesurant 725 paires de bases :

5'- TGTATCAACCATGTGGTGAGCTTAATCATGTACATGACACCGACAGATA
 CACGGTTGTCAAACGGCTACCGGTACGTCCATCGTAAAGAATAGTCTTGGCA
 20 TCGCTATCCATACCAAGCTTCACGGACAGTATCCCAGAGGTCTCTGAGCTTGC
 TCCATCAAAGACCGGTGTCGAATATGGATGCCAAGTTACGTGCTGCCATAC
 CAAGGTGAAGCTCCATAACCTGACCAATGTTACACGTGATGGTACCCCGAGT
 GGGTTCAGCATGATATCAACTGGTGTCCGTCTGGCAAATAAGGCATGTCTTC
 CACAGGAACGATACGGATACAACCCCTTGTTCGTGACGACCCAGCCATCT
 25 TATCTCCGACCTTGATCTTACGTTTGAGCGATGTAGACACGAACCAACATAT
 TAACGCCAGATTGCAACTCATCACCATTAGCACGGTAAAGATCTTACGTCA
 CGAACCACTCCATCAGCACCGTGGGCACACGCAGAGAGAGGTATACGGACTTC
 ACGAGACTTGTCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGGGCGCTTTCAGCAGAAAGA
 TCTTTTCACCCCTAGGGTAACCTTACCTACAAGGATATCGCCTCCTGACT
 30 TCCGCCCGATGCGGATAATACCCATTCTGTCAAATTGCGTAGGGCATCTTC
 CCCTACGTTGGAATTGCGGGTAATTCTCAGGTCA – 3'

SEQ.ID. n°10 : séquence partielle du gène *rpoB* *Streptococcus salivarius* CIP
 102503^T mesurant 728 paires de bases :

5'- TTGTCATCAACCATGTGTGAAGTTGATCATGTACATGACACCAACTGAT
 ACACGGTTATCAAATGGTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTCTTAGC
 ATCACTATCCATACCTGCTTCACGAACAGTATCCCAGAGGTCTCTGAGCTTGC
 CCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGGATACCCAAGTTACGAGCAGCCATA
 5 CCAAGGTGAAGTTCCATAACCTGACCGATGTTCATACGTGATGGCACCCCAAG
 AGGGTCAACATGATATCAACTGGTGTACCGTCTGGAAGGTAAGGCATGTCT
 TCAACAGGAACAATACGAGAAACAACCCCTTGTACCGTGACGACCGGCCAT
 CTTATCTCCGACCTTAATCTTACGTTTGTGAGCGATGTAAACACGAACAAGCAT
 10 GTTAACACCTGATTGCAATTACATCACCCTTGCACGTGTGAAGATTAAACATC
 ACGAACGACACCATCACCAACCGTGAGGTACACGGAGTGAGGTATACGTACT
 TCACGAGATTATCACCAAAGATAGCATGGAGAAGACGTTCTCAGCAGAAA
 GGTCTTTTCACCCCTAGGTGTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTCTTAA
 CCTCAGCACCGATAACGGATAATACCCATTCTGTCAAGGTCTTGAGAGCTTCTT
 CACCAACGTTGGCAATTACGTGTAAATTCTTCAGGTCCA – 3'

15

SEQ.ID. n°11 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus pyogenes*

CIP 56.41^T mesurant 725 paires de bases :

5'- TGTCAACCATGTGGTGAAGTTGATCATATACATGACACCAACGGAT
 ACACGGTTGTCAAATGGTCACCGGTGCGACCATCATAAAGGACCGTCTTAGC
 20 ATCGCTATCCATACCAGCTCACGAACAGTGTCCAAAGGTCTCTGATGAAG
 CCCCCTCAAAGACAGGTGTGCAATGTGAATACCAAGATTACGAGCAGCCATA
 CCAAGGTGAAGTCCATAACCTGACCAATATTACATCCGTATGGCACCCCAAG
 AGGGTTCAACATGATGTCAACTGGTGTCCGTCTGGAAGGTATGGCATGTCT
 TCAACTGGTACAATACGTGAAACGACACCCCTGTTCCGTGACGACCGGCCAT
 25 TTTATCTCCGACCTGATTTCACGTTTGTGAGCGATGTAAACACGCACAAGCAT
 ATTAACACCTGATTGCAATTACATCGCCGTAGCGCGTGTAAAGATTTCACATC
 ACGAACGATAACCATCACCAACCGTGAGGGACACGAAGTGAGGTATACGCACT
 TCACGCGATTATCCCCAAAGATGGCGTGAAGTAAACGTTCTCAGCAGAAAG
 GTCTTTTCACCTTAGGTGTGACTTACCTACTAAGATGTCGCCCTCTTAAC
 30 CTCAGCACCGATAACGGATAATGCCATTCTGTCAAGGTCTTGAGGGCTTCTT
 CACCAACATTGGGATTCCGAGTGATTCTCAGGGCA – 3'

SEQ.ID. n°12 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus pneumoniae* CIP 102911^T mesurant 724 paires de bases :

5' – CAACCATGTGGTGGAGTTGATCATGTACATGACTCCGACAGAAAACACG
 GTTATCAAACGGTTACCAAGTACGTCCATCGTAAAGGATCGTTTGGCATCGC
 5 TATCCATAACCTGCTTCTTAACAGTTGACCAAAGATCTTCAGAACTTGCTCCAT
 CAAAGACTGGTGTGCGATGTGAATACCAAGAGTACGAGCTGCCATACCAAG
 GTGAAGCTCCATAACCTGACCGATATTACATACGTGATGGTACCCAAAGTGGGT
 TCAACATGATGTCGACTGGAGTTCCGTCTGGAAGGTAAGGCATGTCTCTACA
 GGAACGATACGAGAGACAACCCCTTGTTCGTGACGTCCGGCCATTTTATC
 10 TCCGACCTTAATCTTACGTTTGAGCGATGTAAACACGAACCAACATGTTAAC
 ACCTGATTGCAACTCATCTCCATTACACGTGTAAAGATCTAACATACGAAC
 GACACCATCGGCACCGTGTGGTACACGAAGAGAAGTATCACGCACCTCACGA
 GACTTGTCTCCAAAGATAGCGTGCAAGAGACGTTCTCAGCTGAAAGATCTT
 CTCACCCCTAGGTGTTACTTACCTACAAGAATATCACCTTCTTAAACCTCAGCA
 15 CCAATACGGATAATCCCATTCTGCAAGGTCTTGAGGGCATCTCACCAACG
 TTTGGAATTCTCGCGAGTGATTCTCAGGTCAA – 3'

SEQ.ID. n°13 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus oralis* CIP 102922^T mesurant 740 paires de bases :

20 5'- CAACCATGTGGTGGAGTTGATCATGTACATGACAACCAACTGATAACAC
 GTTGTCAAAACGACTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTTTGGCATC
 GCTATCCATAACCTGCTTCTTAACAGTGTCCAAAGGTCTCCGAACTTGCTCC
 GTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGGATACCAAGAGTACGGGCTGCCATACCA
 AGGTGGAGTTCCATAACCTGACCGATATTACATACGTGATGGCACCCAAAGTG
 25 GGTCAACATGATATCGACTGGAGTTCCATCTGGAAGGTAAGGCATGTCTCT
 ACAGGAACGATACGAGAGACAACCCTTGTTCCGTGACGTCCGGCCATCTT
 ATCTCCGACCTTGATCTTACGTTTGAGCGATGTAGACACGAACCAGCATATT
 CACACCAGATTGCAACTCATCACCAATTGCACGTGTAAAGATCTAACATCACG
 AACGACACCATCGGCACCGTGAGGTACTCGAAGAGAAGTATCACGCACCTCAC
 30 GAGACTTGTCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGACGTTCTCAGCAGAAAGGTC
 TTTTCACCCCTAGGTGACTTACCTACAAGGATATCTCCTTCTTAAACCTCA
 GCACCAATACGGATAATACCCATTCTGCAAGGTCTTAAGGGGCATCTCAT
 CAACGTTTNGNATTACGATTATTCCTCAGGGCAACTTTGGGTGT –
 3'

SEQ.ID. n°14 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus mutans* CIP 103220^T mesurant 728 paires de bases :

5' – TGTATCAACCAGTGGTGAAGTTAACATATAACATAACACCAACTGATA
 5 CACGATTATCAAACGGCTCCCTGTGCGACCATCATAAAGAACAGTTAGCA
 TCAGAATCCATACCGGCTCTTACTGTTCCAAAGATCATCAGAAGTTGCT
 CCGTCAAAGACAGGCCTGCAATATGAATGCCAAATTACGAGCAGCCATACC
 AAGATGGAGTTCCATAACTGCCAATGTTACCGTGATGGCACCCAAAGTG
 GATTAAGCATGATATCAACAGGTGTTCCATCTGGAAAGATATGGCATATCTTCC
 10 ACTGGTACAATAACGGGAAACGACACCCCTGTTACCATGACGTCCGGCCATCTT
 ATCTCCGACCTTGATTTACGTTTGAGCGATATAAACACGAACCAGCATGTT
 AACACCTGATTGAAGTTCATCTCATTAGCACGTGAAAGATTTCACATCACA
 AACAAACACCGTCGCCACCATGAGGTACACGAAGAGAAGTATCAGAACTTCAC
 GTGATTGTCACCAAAATGGCATGCAAGAGGGCTCTCTGCAGAAAGATCT
 15 TTTCTCCTTCTAGGAGTCACCTTACCAACTAGAATATCACCTTCTAACCTCAG
 CACCAATGCGAATAATTCCCATTTCATCAAGGTCTTCAGGGCATCTCACCAA
 CATTGGGATTTACGCGTAATTCTTCAGGTCCA – 3'

SEQ.ID.n°15 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus mitis* CIP 103335^T mesurant 730 paires de bases :

5' - TGTATCAACCAGTGGTGGAGTTGATCATGTAACATGACTCCGACAGA
 AAACACGGTTATCAAATGGTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTTTG
 GCATCGCTATCCATACCAAGCTTAAACAGTTGACCAAAGATCTCAGAACTT
 GCTCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGAATACCAAGAGTACGAGCTGCCA
 25 TCCCAAGGTGGAGTTCCATAACCTGACCGATATTACATACGTGATGGCACCCCA
 AGTGGGTTCAACATGATATCGACTGGAGTTCCATCTGGAAAGGTAAAGGCATAT
 CTCTACAGGAACGATACGAGAGACAACCCCTTATTCCGTGACGTCCGGCC
 ATCTTATCTCCGACCTTGATCTTACGTTTGAGCGATGTAGACGCGAACCAAG
 CATGTTGACACCTGATTGCAATTACATCTCCATTGACGTGTAAAGATCTAAC
 30 ATCACGAACCACACCATCAGCTCCGTGTTACACGAAGAGAAGTGTACGTA
 CTTCACGAGATTATCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGGCCCTTCAGCTGAA
 AGGTCTTCTACCCCTAGGTGTTACCTACCTACAAGGATATCCCCCTTCAGCTGAA
 ACCTCAGCACCGATAACGGATAATAACCCATTCTGTCAAGATCTTAAGGGCATC
 TTCCCCAACGTTGGGATTTCACGAGTAATTCTTCAGGTCCA – 3'

SEQ.ID. n°16 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus equinus*
CIP 102504^T mesurant 727 paires de bases :

5'- TGTCAACCAGTGGTGAAGTTWATCATGTACATGACACCAACTGAC
5 ACACGGTTATCAAATGGTTCACCAAGTACGTCCATCGTAAAGAACTGTCTTAGC
10 GTCGCTAGCCATACCAAGCTCGTTAAGTGTATCCAAAGGTCTCAGAAGTTG
15 CCCCATCAAAGACTGGTGGCAATGTGAATACCAAGGTTACGAGCAGCCATA
20 CCAAGGTGAAGCTCCATAACTGTCCGATGTTCATACGAGATGGCACCCAAAG
25 TGGGTTCAACATGATATCGACTGGAGTTCCGTCTGGAAGATAAGGCATGTCT
30 TCAACTGGAACAAACACGAGAAACAACCCCTTGTACCGTGACGACCGGCCAT
35 TTTATCTCCGACTTGATTACGTTTGTGCGATATAAACACGAACGAGCAT
40 GTTAACACCTGATTGTAATTACATACCGTTGCACGTGTAAAGATTTAACGTC
45 ACGAACGACACCCTCCACCGTGTGGTACACGAAGTGATGTATCACGAACCT
50 CACGTGATTATCACCGAAGATTGCGTGAAGAAGGCGCTTCAGCAGAAAG
55 GTCTTTTACCTTAGGTGTTACCTACAAAGGATGTCACCTCTTAACT
60 TCAGCACCGATAACGGATAATACCCATTCTCGTCAAGGTCTTAAGAGCTTCA
65 CCAACGTTGGAATTGCGAGTGATTCTCAGGTCA – 3'

SEQ.ID. n°17 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus constellatus*
20 CIP 103247^T mesurant 731 paires de bases :

5'- AGTTGTCATCAACCAGTGTGCAATTAAATCATACATGACACCGACAGA
10 TACACGGTTGTCAAACGGCTGCCGTACGACCATCATAAAGAATCGTCTGG
15 CATCGCTATCCATGCCTGCTCACGAACAGTATCCAAAGGTATCTGAGCTT
20 GCTCCGTCAAATACTGGCGTTGCTATGTGGATACCAAGGTTGCCAGCAGCCA
25 TACCAAGGTGAAGCTCCATAACCTGTCCGATATTACATACGTGATGGCACCCCA
30 AGTGGGTTCAACATGATGTCTACTGGTGGTCCGTCTGGAAGATAAGGCATAT
35 CCTCAACTGGAACGATAACGGAAACAACCCCTTATTCCGTGGCGTCCGGCC
40 ATCTTATCCCCAACGCGGATCTTCGTTTGGAGCAATGTAAACACGCACCAAC
45 ATGTTGACACCAGATTGCAATTACATACCGTTCGCACGAGTAAAGATTTCAC
50 ATCACGGACAACCCAGCACCACCATGTGGTACACGAAGAGATGTGTCACGTA
55 CTTCACGAGATTATCACCGAAAATTGCATGAAGCAGGCGTCTCAGCGGAT
60 AAGTCTTTTACCTTCGGCGTTACTTACCGACAAGAATGTCGCCCTCTTC
65 ACCTCAGCACCAATGCGGATAATTCCATTCTCGTCAAGGTCTTAGCGCATCT
70 TCCCCAACGTTGGAATTGCGCGTAATTCTCAGGTCAA – 3'

SEQ.ID. n°18 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus anginosus*
CIP 102921^T mesurant 730 paires de bases :

5' – TTGTCATCAACATGTGGTGGGGTGATCATGTAACATGACACCAACGGATA
CACGATTATCAAATGGCTACCAGTACGCCATCATAAAGGATTGGTCTTAGC
ATCGCTATCCATGCCAGCTCACGAACGGTTCCAAAGATCATCTGAGCTAG
CCCCGTCAAATACTGGTGTGCAATGTGAATGCCAAGGTTGCAGCCAT
ACCGAGGTGAAGCTCCATAACTGACCAATATTACGAGATGGCACCCAA
GTGGGTTCAACATAATATCAACTGGTGTCCATCTGGAAGATAACGGCATATCC
10 TCAACTGGAACAATGCGGGAAACAACCCCTTGTTCGTGACGCCAGCCAT
CTTATCCCCAACACGGATTTCCGTTTGAGCGATGTAAACACGTACCAACAT
GTTGACACCAGATTGCAATTACATACCGTTCGACGAGTAAAGATTTCACATC
ACGGACAACCCCTGCACCACCATGTGGTACACGAAGGGAAAGTATACGTACTT
CACGAGATTATCACCGAAAATTGCATGAAGCAGGCCTTCAGCAGATAAG
15 TCTTTTCACCTTCGGTGTACTTACCGACAAGAATGTCGCCTTCTTACCT
CAGCACCAATGCGGATAATTCCCGTTCGTCAAGGTCTCTCAAAGCATmTTCA
CNGACGTTGGAATTGCGCGTGATTCTTCAGGTCCAAA – 3'

SEQ.ID. n°19 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus dysgalactiae* CIP 102914^T mesurant 728 paires de bases :

5' – TGTCAACCATGTGGTGGAGTTAACATGTACATGACACCAACGGAT
ACACGGTTGTCAAATGGTTCGCCAGTACGTCCATCATAAAGGACCGTCTTAGC
ATCGCTATCCATACCAGCTCACGAACAGTGTCCAAAGGTCTCTGATGAAG
CCCCGTCAAAGACAGGTGTGCAATGTGAATACCAAGATTACGAGCAGCCATA
25 CCAAGGTGAAGTCCATAACCTGACCAATGTTACCGTGTGATGGCACCCAAAG
AGGGTTCAACATGATGTCAACTGGTGTCCATCTGGAAGGTATGGCATGTCTT
CAACTGGTACAATAACGTGAAACGACACCCCTGTTCCGTGACGACCGACATT
TTATCTCCGACTTGATCTACGTTTGAGCAATGTAAACACGCACAAGCATA
30 TTAACACCTGATTGCAATTACATGCCGTAGCGCGTGTAAAGATTTCACATCA
CGAACGATACCATCACCAACCGTGAGGTACACGAAGGGACGTATACGAACCTC
ACGTGATTATCTCCAAAGATGGCATGCAAGAGAGACGCTCTCAGCAGAAAGGT
CTTTTCACCTTAGGTGTGACTTACCTACTAAGATGTCGCCTTCTTAACCTC
AGCACCGATAACGGATAATTCCATTGCAAGGTCTTGAGCGCTTCTCACC
AACGTTGGAATTGCGGGTGATTCTTCAGGTCAA – 3'

SEQ.ID. n°20 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus bovis* CIP 102302^T mesurant 728 paires de bases :

5' – TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTGATCATGTACATGATAACCAACAGAG
 5 ACACGATTATCAAATGGTCACCTGTACGACCGTCATAAAGAACTGTCTAGC
 GTCGCTATCCATACCAGCTCACGAACAGTATCCAAAGGTCTCTGAAGTTG
 CCCCCGTCAAAGACTGGAGTTGCAATGTGAATACCGAGGTTACGAGCTGCCAT
 ACCAAGGTGAAGTTCCATAACTTGTCCGATATTCATACGAGATGGCACCCCAA
 GAGGGTTCAACATGATATCAACTGGAGTTCCGTCTGGAAGATATGGCATGTC
 10 TTCAACAGGAACGATAACGAGAAACAACCCCTTGTITCCGTGACGACCGGCCA
 TTTTATCTCCGACTTGATTTACGTTTGTGCAATGTAACACCGAACAGAGCA
 TGGTGAACACCTGATTGCAATTCATCACCGTTAGCACGTGTGAAGATTTAACAA
 TCACGAACAAACACCGTCTCCACCGTGTGGCACACGAAGTGTATCACGTAC
 TTCACGAGATTATCACCGAAGATTGCGTGAAGAAGGCGTTCTCAGCAGAAA
 15 GGTCTTTTCACCTTAGGTGTTACTTACCTACAAGGATATCACCTTCTTAA
 CTTCAGCACCGATACGGATAATACCCATTGCAAGGTCTTAAGAGCTTCTT
 CACCAACGTTGGAATTGCGAGTGATTCTCAGGTCAA – 3'

SEQ.ID. n°21 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus acidominimus* CIP 82.4^T mesurant 728 paires de bases :

5' - TTGTCAACCCTGTGGAGCTTAATCATGTACATGACACCAACAG
 ACACACGGTTATCAAATGGTCACCAAGTACGACCATCATAAAGAAATCGTTTA
 GCATCGCTGCCATTCCCTGCCTTTAACAGTTGACCAGAGATCCTCTGAGCTC
 GCACCATCGAAAACCGGTGTTGCGATATGGATAACCAAGTTACGAGCAGCCAT
 25 ACCCAAGTGCAGTCCATAACCTGACCAATATTCATACGAGATGGCACCCCAA
 GTGGGTTAACATGATGTCAACTGGTGTCCATCTGGAAGATATGGCATGTCT
 TCAACTGGTACAATACGAGAAACGACACCCITGTTACCGTGACGACCGGCCAT
 CTTATCTCCGACCTTAATCTTGCCTTTGAGCGATATACACACGTACCGACAT
 ATTAACACCAAGACTGTAGCTCATCACCATTAGCACCGTAAAGATTTCACATC
 30 ACGAACAAACACCATCTGCACCGTGTGGCACACGTAGAGAGGGTATCACGTACTT
 CACGTGATTGTCACCGAAGATAGCATGCAAGAGAGCGCTCCTCAGCAGAAAG
 ATCTTTTCACCTTTGGTGTACCTTACCAACAAGAAATATGCCCTCTTAACCT
 TCTGCACCGATACGGATAATACCCATTGCAAGGTCTTGAGGGCTTCTTC
 ACCAACGTTGGAATTTCACGAGTAATTCTCAGGTCA – 3'

SEQ.ID. n°22 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus agalactiae* CIP 103227^T mesurant 733 paires de bases :

5' – TGAGTTGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTGATCATGTACATGACACCAA
 5 CTGACACACGGTTATCGAATGGTCACCAAGTACGACCATCATAAAGAACAGTC
 TTAGCATCTGAATCCATACCTGCTTCTGAACAGTTCCAAAGGTCTCTGAA
 GAAGCCCCATCAAAGACTGGCGTTGCAATATGAATACTAACCTAAATTACGAGCAGC
 CATACTAAATGAAGCTCCATAACTGTCCGATATTACATACGTGATGGCACCCCC
 AAGTGGGTTCAACATGATATCAACTGGCGTTCCATCTGGTAAGTAAGGCATAT
 10 CTTCAACAGGAACAATACGTGAGACGACACCTTGTTCGTGACGACCGGCC
 ATCTTATCACCGACTTGATTTACGTTTGAGCGATATAAACGCGGACAAG
 CATATTAACACCTGATTGCAATTACCACTTGCACGAGTAAAGATTTAAC
 GTCACGAACACTCCATGCCACCGTGAGGTACACGTAGTGAAGTATCACGAA
 CTTCACGTGATTATCACCAAAATGGCATGCAAGAGACGTTCTCAGCAGAT
 15 AAGTCCTTTCACCTTAGGTGTTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTTCTTT
 ACCTCAGCACCAATGCGGATAATTCCCATTTCATCGAGATCACGTAGTGAATC
 TTCACCAACATTTGGATTCACCGAGTAATTCTCAGGTCCA – 3'

SEQ.ID. n°23 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus difficile* CIP 103768^T mesurant 714 paires de bases :

5' - TTGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTGATCATGTACATGACACCAAACGTGAC
 ACACGGTTATCGAATGGTCACCAAGTATGACCATCATAAAGAACAGTCTTAGCAT
 CTGAATCCATACCTGCTTCTGAACAGTTCCAAAGGTCTCTGAAGAACGCCCC
 ATCAAAGACTGGCGTTGCAATATGAATACTAAATTACGAGCAGCCATACCTAAA
 25 TGAAGCTCCATAACTGTCCGATATTACGTGATGGCACCCCAAGTGGGTTCA
 ACATGATATCAACTGGCGTTCCATCTGGTAAATAAGGCATATCTCAACAGGAAC
 AATACGTGAGACGACACCTTGTTCGTGACGACCGGCATCTTATCACCGACT
 TTGATTTACGTTTGAGCGATATAACGCGGACAAGCATATTACACCTGATT
 GCAATTACATCACCATITGCACGAGTAAAGATTTAACGTACGAACACTACTCCATC
 30 GCCACCGTGAGGTACACGTAGTGAAGTATCACGAACCTCACGTGATTATCACCA
 AAAATGGCATGCAAGAGACGTTCTCAGCAGATAAGTCCTTTCACCTTAGGCG
 TTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTCTTACCTCAGCACCAATGCGGATAATT
 CCCATTACATCGAGATCACGTAGTGAATCTCACCAACATTGGAATTTCACGAG
 TA – 3'

SEQ.ID. n°24 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus intermedius* CIP 103248^T mesurant 728 paires de bases :

5'- TGTCAACCAGTGGTGAAGCTTAATCATGTACATGACACCAACGGAC
 5 ACACGGTTATCAAACGGTCGCCAGTACGTCCATCATAAAGGATTGTCTAGC
 ATCGCTATCCATACTGCTTCACGAACGGTTCCAAAGATCATCTGAGCTAGC
 TCCGTCAAAGACTGGCGTTGCAATGTGGATACCAAGTTGCGAGCAGCCATAC
 CGAGGTGCAATTCCATAACTGTCCGATATTACATACGTGACGGCACCCAAAGA
 GGATTCAACATGATATCAACTGGTGTCCGTCTGGAAGAGATACGGCATATCCTC
 10 AACTGGAACAATGCGGGAAACAAACCCCTTGTTCCGTGGCGTCCGGCCATCT
 TATCTCCAACGCGGATTCCGTTTGAGCGATATAAACACGTACCAACATGT
 TGACACCAGGATTGCAATTACATCACCAGTGCACGAGTAAAGATTACATCAC
 GGACAACACCTGCACCACCGTGTGGTACACGAAGGGAGGTACCGCACTTC
 ACGAGACTTATCACCAAAATTGCATGAAGCAGGCGTTCTCAGCGGATAAAAT
 15 CTTTCACCTTCGGCGTTACTTACCGACAAGAATGTCGCCTCTTACCTC
 AGCACCAATGCGGATAATTCCATCTCGTCAAGGTCTCTCAAAGCATCTCCCC
 GACGTTGGAATTGCGCGTGTATTCTCAGGTCCA - 3'

SEQ.ID. n°25 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus equi* CIP 102910^T mesurant 728 paires de bases

5'- TGTCAACCAGTGGTGAAGCTTAATCATATACATGACACCAACTGAC
 ACACGATTATCAAACGGCTACCAAGTACGGCCATCATAAAGAACAGTCTTAGC
 ATCGCTATCCATACTGCTTCACGAACAGTTCCAAAGGTCTCAGACGTAGC
 TCCGTCAAAGACCGGTGTGCGATATGGATACCCAAATTACGAGCAGCCATAC
 25 CTAGGTGAAGCTCCATAACCTGTCCAATGTTACAGAGACGGCACCCAAAGA
 GGGTTAGCATGATGTCAACAGGGGTTCCGTCTGGCAGATATGGCATATCCT
 CAACCGGTACAATACTGAGACGACACCCCTGTTACCATGACGCCGGCATT
 TTATCTCCGACCTTGATTTACGCTTTGAGCAATGTAACACGCACCAGCATA
 TTAACACCTGATTGAAGCTCATCACCATTGCGCGTGTAAAGATCTCACATCA
 30 CGTACAATCCCGTACCAACCATGAGGAACACGTAACGAGGTATCACGAACCTC
 ACGTGATTATCACCAAAAGATAGCATGCAGGAGACGTTCTCAGCAGAAAGG
 TCTTTTCACCCCTAGGAGTTACCTTACCAACAAGAATATCGCCTCCTGACC
 TCTGCACCGATAACGGATAATACCCATTACATCAAGGTCTTGAGGGCTTCTCA
 CCAACGTTGGCACTTCACGTGTGATTCTCAGGTCCA - 3'

SEQ.ID. n°26 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus gallinarum* CIP 103013^T mesurant 718 paires de bases :

5'- TCATCAACCATGTGGGCCAATTGATCATATACATGACACCTACGGAGAT
 5 TCGACCATCAAATGGTCTCCAGTACGGCCATCATACAAAACGGTTTGGCGT
 CGCTAGCCATGCCGGCTTCTGCAACTGTTGCCAGACATCTCATCGCTGGCA
 CCATCAAAGACTGGTAGGCCACGTGGATTCTAATTGGCGGGCAGCCATTCC
 TAAGTGTAAATTCCAATACTTGTCCAATGTTATCCGTGAAGGCACCCCTAATG
 GGTCAACATGATATCAACTGGTAGCCACCGTCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCT
 10 TCTGGCATAATGCGAGAAACGACCCTTATITCCGTGACGGCCGGCATTTC
 ATCCCCTTCATGGATTITCCGTTTGAAACGATATACACGCGAACGAGCATATT
 GACACCTGGTGACAATTCATGCCAGCTCGCGGGTAAAGATTTCACATCAT
 GGACGATTCCGCCACCACCGTGAGGTACGCGCAGAGAAGTATCGCGGACTTC
 GCAGCTTTTACCAAAGATTGCATGAAGCAAGCGTTCTGCAGATASTT
 15 CCGTTACCCCTTYAKCGTTACTTACCAACCANCAGATGCCATTTGACTT
 CCGCANCAATGCGNNNNNNNNNNCTNNNCAAANCNTCAATCGTCTCC
 CGACATTGGGATTACGAGTGATTCTCAGTCA – 3'

SEQ.ID. n°27 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus casseliflavus* CIP 103018^T mesurant 727 paires de bases :

5'- TGTCAACCATGTGGGCCAATTGATCATGTACATGACACCAACGGAG
 ATGCGGCCATCAAATGGTCGCCGGTACGTCCGTCAAAGCACTGTTGGC
 ATCGCTGGCCATTCTGCTTCAGCAACCGTTGCCAAACATCTCATCGCTGGC
 TCCATCAAAGACTGGTGTGCCACGTGAATGCCATTGACGCGCAGCCATT
 25 CTAAGTGTAACTCTAATACTTGTCCAATGTTATCCGAGAAGGTACCCCTAATG
 GGTTCAGCATGATATCGACTGGTGTGCCATCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCT
 TCTGGCATAATGCGAGAAACGACCCTTGTTCCGTGACGTCCGGCATTTC
 ATCCCCTTCATGGATTTCGTTTGAAACGATATAACCGCGAACAGCATGTT
 CACACCTGGTGACAATTCATGCCAGCTCGCGGGTAAAGATTGACATCGT
 30 GGACGATTCCGCCGCCGTGAGGCACGCGTAGAGAAGTGTACGCACCTTC
 GCAGCTTTTACCAAAGATTGCGTGCAACAAACGCTCTCTGCTGAAAGTT
 CCGTTACCCCTTTGGCGTGACTTCCAAACAAGCAGATGCCATTTGACTT
 CCGCACCAATGCGGATAATGCCATTCTAGGTCTTCAACGCGTCTCC
 AACGTTGGGATTTCGCGAGTGATTCTCAGGTCCA – 3'

SEQ.ID. n°28 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus saccharolyticus* CIP 103246^T mesurant 721 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGGGCAAGTTAACATGTACATTACCCCAACAGAG
 5 ATACGACCATCGAACATGGTCACCGTACGTCCGTACATAAAGAACAGTTTCGC
 ACCATCAAATACTGGTAGCTACATGGATGCCTAACTGACGTGCAGCCATCC
 CTAAGTGTAAATTCCAATACTGTCCGATGTCATACGAGATGGTACTCCTAGT
 GGGTTCAACATGATATCAACTGGTGTGCCGTCTGGTAAGAACATGGCATGTCTTC
 10 TTCTGGCATAATGCGAGAGACAACCCCTTGTACCATGACGTCCGCCATTTC
 ATCTCCTTCGTGAATCTTACGTTTGACGATATAAACACGAACACTAACATGTT
 CACACCTGGAGATAATTCGTCGCCTGCTTCACGGTAAAGATTAAACATCGT
 GAACGATACCGCCACCGCCGTGAGGAACACGTAATGATGTATCACGTACTTCA
 CGTCTTTTACCGAAGATTGCGTGCAATAGACGTTCTCTGCAGATAATT
 15 GGTTACCCCTTACGGAGTGACTTACCTACTAATAAGTCGCCATCTGTACTTC
 GGCACCGATAACGGATAATACCCATTCTGCTAAAGTCTTTAATGCGTCTCCCC
 AACGTTAGGAATTGCGGTGATTCTTCAG - 3'

SEQ.ID. n°29 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus faecium* CIP

20 103014^T mesurant 727 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGAGCAAGTTGATCATGTACATCACACCGACAGAC
 ACACGTCCATCAAATGGTCACCTGTACGTCCGTACAGAACAGTTTCGC
 ATCGCTGGCCATACCGGCTCACGAACCTGTTCCATACGTCTCATCACTTGC
 ACCATCAAATACTGGCGTTGCTACGTGGATACTAACGTTCTGAGCCATAC
 25 CCAAGTGTAAATTCCAATACTGCCCCATGTCATACGTGAAGGCACCCCTAAA
 GGATTCAAGCATGATATCGATTGGTGTCCATCAGGTAGGAATGGCATATCTTC
 TTCCGGCATAATAACGGATAACAACCCTTTATTCTGCTACGACCGGCCATTTC
 ATCCCCTCATGGATTTACGTTTGAACGATATAAACACGAACACTAACATGTT
 TACGCCCTGGTACAAATTCATCTCCAGCTTACGAGTAAAGATTTCACATCGT
 30 GAACGATACCGCCGCCATGTGGTACACGTAATGATGTATCGCGGACTTCA
 CGAGCTTTTCGCCAAAGATCGCATGCAATAGACGTTCTCTGCAGATAATTCT
 GTTACCCCTTGGCGTGACTTCCCTACAAGCAAATGCCATCTGGACTTCT
 GCACCAATACGGATGATAACCAATTCTGCTAAATCTTTAATGCGTCTCCCCGA
 CATTAGGGATTGCGGTGATTCTTCAGGTCCA - 3'

SEQ.ID. n°30 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus faecalis* CIP 103015^T mesurant 724 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGGGCTAATTAAATCATATACATGACACCAACGGAA
 5 ATACGGTTATCAAATGGITCACCTGTACGTCCATCGTAAAGAACTGTTTAGC
 ATCGCTAGCCATACCAGCTCACGAACAGTTCCAAACGTCTCATCGGTTGC
 CCCATCGAAAACAGGTGTTGCGACGTGAATACCTAATTGGCGAGCAGCCATAC
 CTAAGTGTAAATTCAAGTACTTGTCCGATATTCATACGAGAAGGTACCCCTAAT
 GGGTTCAACATGATATCAACAGGTGTTCCGTAGGTAGAATGGCATATCTTC
 10 TTCCGGCATAATACGGAAACAACCCCTTATTCCGTGACGTCCGCCATTTC
 ATCTCCTTCGTGAATTACGTTTGAACGATATAGACACGAACATGTT
 GACACCTGGTGATAATTCATGCCAGCTCACGAGTAAAGATTTCACATCAT
 GAACGATAACGCCGCCACCGTGAGGTACACGGAGAGACGTATCACGAACCTC
 GCAGGGCTTTCCCCGAAGATTGCGTGTAAATAACGTTCTCTGCAGATAATT
 15 CTGTGACCCCTTAGGTGTGACTTCCCAACTAGTAAGTCGCCATCTGAACCTT
 CAGCACCAATGCGGATAATCCCCATTCTGTCTAAGTCTTCAACGCGTCTCCC
 AACGTTGGAATTACGGGTATTCTTCAGGTCA - 3'

SEQ.ID. n°31 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus avium* CIP 103019^T mesurant 570 paires de bases :

SEQ.ID. n°31 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus avium* CIP 103019^T mesurant 570 paires de bases :

5'- GTCCCATATAAAGAACGGTCTTAGCATCTGCTGCCATACGAGCTTCACGA
 ACTGTTCCAAACATCGCTATCTGCGCACCATCGAAGACTGGTGTGCAAC
 25 ATGGATACCTAGTTGGCGAGCCGATTCCCAAGTGTAAATTCAAACACTTGTG
 CGATGTTCATCCGAGATGGCACACCTAATGGTTCAACATGATATCAACTGGC
 GTACCGTCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCTGGCATAATGCGAGAAACGA
 CCCCTTATTCCGTACGGCCGGCATTATTATCCCTCATGAATCTACGTT
 TTTGCACGATGTACACGCGCACTAACATATTACACCTGGAGATAATTACG
 30 CTGCTTCACGAGTAAAGATCTCACATCGTGAACGATCCGCCACCATGC
 GGTACACGAAGAGATGTATCACGAACCTCACGAGCCTTCAACAAAGATCGC
 ATGCAACAAACGTTCTCAGCTGATAATTCTGTTACCCCTTAGGAGTACTT
 ACCAACTAATAATCACCACATGAACCTCAGCACCAATAC - 3'

SEQ.ID. n°32 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Abiotrophia defectiva* CIP 103242^T mesurant 732 paires de bases :

5' GAAGTTGTCATCAACCATGTGGGCCAACTTAATCATGTACATAACCCAA
 CAGAGACTTTACGGTCAAATGGTTACCGGTCGACCATCATATAAGATAGTC
 5 TTAGCGTCAGCTTCTAACGCCGGCTCCTAACTGTTCCCAGACATCTTCTCA
 CTAGCACCGTCAAAGACAGGTGTTGCAATCTGATGCCATTGCGAGCAGC
 CATCCCCAAGTGTAACTCTAGGACTTGCCGATGTTACGGGATGGAACCC
 CTAATGGGTTCAACATGATATCAACTGGGTACCATCTGGTAAGAATGGCATA
 TCTTCTTCCGGCATGATAAGGGAGACAACCCCTTGTACCGTGACGACCGGC
 10 CATCTTATCCCCTTCATTGATTTACGTTTTGTACGATGTAGACCGCGACTAG
 CTTGTTGACACCTGGTGCCAATTGTCGCCAGCTCGCGGGTAAAGATTAA
 CGTCGTGGACAATCCCGCCCCGCCGTGTGGCACACGCAAGGAAGTATCACG
 TACTTCACGCGCCTCTCACCGAAGATAGCATGGAGCAAGCGTTCCGCAG
 ACAACTCGGTACACCTTGGTGTACCTTACCAACTAAGATATGCCGTCTT
 15 TTACTTCCGCCCCGATAACAGATAATCCCGTCTGGTCTAAGTACTTGAGGGCA
 TCTTCGGACACGTTGGAATTGCGTGTAAATTCTTCAGGTCA - 3'

SEQ.ID. n°33 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Gemella morbillorum* CIP 81.10^T mesurant 727 paires de bases :

20 5' TGTATCAACCAGTGTGCAAGTTATCATGTACATTACCCCTACAGATAC
 ACGGCTATCAAATGGCTACCTGTACGTCCGTATAAAGAACTGTCTAGCAT
 CTTAGCCATTCCAGCTCCGCAACTGTAGACCAAACATCTCATCAGTAGCAC
 CATCGAATACTGGTAGCTACGTGGATTCCAAGTTGTTAGCAGCCATACCT
 AAGTGTAGCTAAACTTGTCCAATGTTACCGAGATGGAACCCCAAGTGG
 25 GTTTAACATTACGTCAACTGGTAGCATCTGGTAGGTAAGGCATATCTTCTT
 CTGGTAAGATATTGAGATAACCCCTTGTACCGTGACGACCGGCCATTAA
 TCTCCTACACGAATTACGTTGGACGATAAACACCGAACAGTTACCTT
 ACACCGTTAGGTAATTGACGACCATCTCACGTTAAAGATTAAACATCAGCA
 ACTACTCCATCAGCACCGTGAGGTACACGTAATGAAGTATCACGTACTCTTAA
 30 GATTAGCTCAAAGATAGCATATAATAATTCTCTGGAGTTGTTAGTT
 AATCCTTCCGGTGTAACTTACCTACTAAAATATCTCCATCTTAACTTCAGCC
 CCAATACGAATGATTCCCTCGTGCATCTAAGTTCTAAGTGCATTTCACCC
 GTTGGAAATCTCACGAGTAATTCTTCAGGTCA - 3'

SEQ.ID. n°34 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Gemella haemolysans* CIP 101126^T mesurant 726 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGTGCAAGTTAACATGTACATTACCCCTACAGATA
 CACGGCTATCAAATGGCTACCTGTACGTCCGTATAAAGAACTGTCTTAGCA
 5 TCTTAGCCATTCCAGCTTCCGCAACTGTAGACCAAACATCTCATCAGTAGCA
 CCATCGAACATCTGGTAGCTACGTGGATTCCAAGTTGTTAGCAGCCATACC
 TAAGTGTAGCTAAACTGTCCAATGTTACAGAGATGGAACCCCAAGTG
 GGTTAACATTACGTCAACTGGTAGCATCTGGTAGGTAAGGCATATCTTCT
 TCTGGTAAGATATTGAGATAACCCCTTGTACCGTGACGACCGGCCATT
 10 ATCTCCTACACGAATTACGTTTGAGATAAAATACACGAACAAGTCATT
 TACACCGTTAGGTAATTCAAGCACCACCTCACGTTAAAGATTAAACATCAGC
 AACTACTCCATCAGCACCGTGAGGTACACGTAATGAAGTATCACGTACTCTT
 AGATTAGCTCAAAGATAGCATATAATAATTCTCTGGAGTTGTCAGT
 TAATCCTTCGGTGTAACTTACCTACTAAAATATCTCCATCTTAACITCAGC
 15 CCCAATACGAATGATTCTCGTGCATCTAACAGTTCTAACGTGCATTTCACCTAC
 GTTGGAAATCTCACGAGTATTCTCAGGTCCA - 3'

SEQ.ID. n°35 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Granulicatella adjacens* CIP 103243^T mesurant 719 paires de bases :

20 5'- CATCAACCATGTGAGCAAGTTGATCATGTACATAACCCCTACTGACACA
 CGGTTATCGAATGGTCCCTGTACGTCCATCATATAGAATTGTTTCGCATCA
 CGAGCCATACCCGCTCTGCAACAGTTCCCCATACGTCTCATCTGCGCACCA
 TCGAATACTGGTGTGCGATGTAACACCTAACGAGCAGCCATCCCTAA
 GTGTAACTCTAACACTGTCCGATGTTACATCGTAAGGTACCCCTAACGGT
 25 TTAACATGATGTCAACTGGTGTCCATCTGGTAAGAATGGCATATCTCTTCC
 GGCATAATACGGAAACAACCCCTTATTACCGTGACGTCCGGCCATCTTATC
 CCCTCATTGATTACGTTTGTACAATATACACGAACAAATTGTTACG
 CCAGGTGCTAACATCACCTGCTGCACGTGTGAATAACACGTACATCAGGAC
 AATACCGCCACCGCCGTGAGGTACACGTAGAGATGTGTACGAACCTCACGA
 30 GCTTTTACCGAAGATTGCGTGTAAATAACGTTCTGGTATTGTTCTGTT
 AACCCCTTAGGAGTTACTTACCAACTAACAGATGTCACCACCTAACCTCGGCA
 CCGATACGAATAATTCCGTCTGCGTCTAGGTTCTCAATGCGTCTCCCAACGT
 TTGGAAATCTCACGAGTAATTCTCAGG - 3'

Dans les séquences ci-dessus, le nucléotide M désigne A ou C, le nucléotide R désigne A ou G, le nucléotide W désigne A ou T, le nucléotide Y désigne C ou T et le nucléotide N désigne A, T, C ou G.

Dans les séquences ci-dessus, les références CIP se rapportent à des 5 dépôts à la Collection Nationale de Culture des Microorganismes (CNCM) de l'Institut Pasteur à Paris (France).

Exemple 3. Identification en aveugle d'une collection de 20 souches bactériennes comprenant 10 souches de bactéries appartenant aux genres 10 *Streptococcus* et genres apparentés.

Une collection de vingt souches appartenant aux espèces bactériennes suivantes: *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus sanguis*, *Granulicatella adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus faecalis*, *Gemella haemolysans*, *Gemella morbillorum*, *Streptococcus equi*, *Streptococcus anginosus*, *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas oleovorans*, *Mycobacterium avium*, *Bacillus cereus*, *Acinetobacter anitratus*, *Corynebacterium amycolatum*, *Klebsiella terrigena*, *Pasteurella*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Staphylococcus*, a été codée de façon à réaliser une identification moléculaire en aveugle (l'expérimentateur ne connaissant pas a priori l'identité des souches) des 20 souches selon le procédé décrit dans la présente demande de brevet. L'extraction des acides nucléiques ainsi que l'amplification du fragment du gène *rpoB* ont été réalisées comme décrites dans l'exemple n°2 en incorporant des amorces consistant dans des mélanges de 4 oligonucléotides qui ont des séquences consistant dans les séquences SEQ ID N°6 (comme amorce 5') et 25 SEQ ID N°7 (comme amorce 3') avec N représentant l'inosine, dans une amplification PCR (Fig. 1). Le séquençage de ces 10 amplifiats a été réalisé en incorporant dans la réaction de séquençage les amorces SEQ ID N°6 et SEQ ID N°7 comme décrit dans l'exemple n°2 et la comparaison des séquences obtenues avec les séquences SEQ.ID n° 1 à 5 et 8 à 35 a permis d'identifier les 30 dix souches amplifiées comme étant *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus sanguis*, *Granulicatella adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus faecalis*, *Gemella haemolysans*, *Gemella morbillorum*, *Streptococcus equi*, *Streptococcus anginosus*. Le décodage de ces 10 souches

a montré 100% de concordance entre l'identification moléculaire selon le procédé faisant l'objet de la présente invention et l'identification établie antérieurement par les méthodes phénotypiques standard. Ce résultat illustre la spécificité du jeu d'amorces SEQ ID N°6/SEQ ID N° 7 utilisé pour ce travail.

5 Les autres bactéries choisies pour ce qu'elles sont fréquemment isolées dans les prélèvements cliniques humains ou animaux susceptibles de contenir également des bactéries du genre *Streptococcus*, n'ont pas été amplifiées, démontrant ainsi la spécificité des amorces utilisées pour le genre *Streptococcus* et dits 4 genres apparentés dans les conditions d'utilisation pour
10 la détection des bactéries du genre *Streptococcus* et dits 4 genres apparentés selon l'invention par rapport aux bactéries d'un autre genre.

15 Sur la figure 1 sont représentés les produits d'amplification PCR obtenus à partir de dix souches bactériennes codées, comportant 7 souches appartenant au genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés (colonnes 2, 3, 4, 7 -11) et 3 souches bactériennes de genres bactériens autres que *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés (colonnes 5,6 et 12). Les colonnes 1 et 13
20 représentent le marqueur de poids moléculaire. Les produits d'amplification sont obtenus après incorporation des amorces SEQ ID N°6 et SEQ ID N° 7 décrits ci-dessus et sont visualisés par coloration au bromure d'éthidium après électrophorèse sur un gel d'agarose.

REVENDICATIONS

1. Gène ou fragment de gène *rpoB* d'une bactérie du genre *Streptococcus* et des 4 genres apparentés *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence telle que décrite dans les séquences SEQ.ID. n° 8 à 35 dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- 10 - le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I, et les séquences inverses et séquences complémentaires.

2. Gène *rpoB* d'une des bactéries *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus equinus*, *Abiotrophia defectiva*, *Streptococcus mutans* et *Enterococcus faecalis* caractérisé en ce qu'il correspond à l'une des séquences telles que décrites dans les séquences SEQ.ID. n° 1 à 5, dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- 20 - le nucléotide W représente A ou T,
- le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I, et les séquences inverses et séquences complémentaires.

3. Fragment d'un gène *rpoB* selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il consiste dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- 30 - le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, ou G et les séquences inverses et séquences complémentaires.

REVENDICATIONS

1. Gène ou fragment de gène *rpoB* d'une bactérie du genre *Streptococcus* et des 4 genres apparentés *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence telle que 5 décrite dans les séquences SEQ.ID. n° 8 à 35 dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- 10 - le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I, et

les séquences inverses et séquences complémentaires.

15 2. Gène *rpoB* d'une des bactéries *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus equinus*, *Abiotrophia defectiva*, *Streptococcus mutans* et *Enterococcus faecalis* selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il correspond à l'une des séquences telles que décrites dans les séquences SEQ.ID. n° 1 à 5, dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- 20 - le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

25 3. Fragment d'un gène *rpoB* selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il consiste dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- 30 - le nucléotide W représente A ou T,
- le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, ou G

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

4. Oligonucléotide caractérisé en ce qu'il comprend une séquence d'au moins 12, de préférence de 18 à 35, motifs nucléotidiques consécutifs inclus dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 6 et 7 suivantes :

5 - SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGM CCTGAAGAAAT-3', et
- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans lesquelles :

10 - N représente l'inosine ou l'un des 4 nucléotides A, T, C ou G,
- R représente A ou G,
- M représente A ou C, et
- Y représente C ou T,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

5. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence de 18 à 35, de préférence 15 encore au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, inclus dans la séquence suivante :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGM CCTGAAGAAAT-3',
dans laquelle :

20 - R représente A ou G,
- Y représente C ou T,
- M représente A ou C, et
- N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

6. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est 25 constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence de 18 à 35, de préférence encore au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

30 - SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGM CCTGAAGAAAT-3',
dans laquelle :

- R représente A ou G,
- Y représente C ou T,
- M représente A ou C, et

4. Oligonucléotide caractérisé en ce qu'il comprend une séquence d'au moins 12, motifs nucléotidiques consécutifs incluse dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 6 et 7 suivantes :

5 - SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGM CCTGAAGAAAT-3', et
- SEQ ID N° 7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans lesquelles :

10 - N représente l'inosine ou l'un des 4 nucléotides A, T, C ou G,
- R représente A ou G,
- M représente A ou C, et
- Y représente C ou T,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

5. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides selon la revendication 4, de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, inclus dans la séquence suivante :

15 - SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGM CCTGAAGAAAT-3',

20 dans laquelle :
- R représente A ou G,
- Y représente C ou T,
- M représente A ou C, et
- N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

6. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides selon la revendication 4 de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

25 - SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGM CCTGAAGAAAT-3',

30 dans laquelle :
- R représente A ou G,
- Y représente C ou T,
- M représente A ou C, et
- N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

- N représente l'inosine,
et les séquences inverses et séquences complémentaires.

7. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides de séquences 5 différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence de 21 à 35, de préférence encore au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',
dans laquelle :

10 - R représente A ou G, et
- N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

8. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides de séquences 15 différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence de 21 à 35, de préférence encore au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',
dans laquelle :

20 - R représente A ou G, et
- N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

9. Mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 6 ou 8, caractérisé en ce que lesdites séquences consistent dans les séquences 25 SEQ.ID. n° 6 et 7 dans lesquelles N représente l'inosine, et les séquences inverses et séquences complémentaires.

10. Procédé de détection par identification moléculaire d'une bactérie de l'une des espèces du genre *Streptococcus* et dits 4 genres apparentés, caractérisé en ce qu'on utilise :

30 - un gène ou fragment de gène *rpoB* selon l'une des revendications 1 à 3, ou
- au moins un oligonucléotide ou mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 4 à 9.

7. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides selon la revendication 4, de séquences différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la 5 séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans laquelle :

- R représente A ou G, et
- N représente A, T, C ou G,

10 et les séquences inverses et séquences complémentaires.

8. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides selon la revendication 4, de séquences différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

15 - SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans laquelle :

- R représente A ou G, et
- N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

20 9. Mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 6 ou 8, caractérisé en ce que lesdites séquences consistent dans les séquences SEQ.ID. n° 6 et 7 dans lesquelles N représente l'inosine, et les séquences inverses et séquences complémentaires.

10. Procédé de détection par identification moléculaire d'une bactérie 25 de l'une des espèces du genre *Streptococcus* et des 4 genres apparentés *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*, caractérisé en ce qu'on utilise :

- un gène ou fragment de gène *rpoB* selon l'une des revendications 1 à 3, ou 30 - au moins un oligonucléotide ou mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 4 à 9.

11. Procédé selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'on utilise :

- un fragment du gène *rpoB* de ladite bactérie selon la revendication 3, ou

11. Procédé selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'on utilise :

- un fragment du gène *rpoB* de ladite bactérie selon la revendication 3, ou
- au moins un mélange d'oligonucléotides selon la revendication 9.

12. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce
5 qu'il comprend les étapes dans lesquelles :

10 1- on met en contact au moins une sonde de genre comprenant un dit
mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 5 à 9, avec un
échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au
moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et ses dits 4 genres
apparentés, et

15 2- on détermine la formation ou l'absence de formation d'un complexe
d'hybridation entre ladite sonde de genre et les acides nucléiques de
l'échantillon, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans
l'échantillon s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

13. Procédé selon l'une des revendications 11 ou 12, caractérisé en ce
20 qu'il comprend les étapes dans lesquelles :

25 1- on met en contact les amorces d'amplification comprenant desdits
mélanges d'oligonucléotides selon l'une des revendications 5 à 9 avec un
échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au
moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés,
et avec :

30 - comme amorce 5', un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une
séquence incluse dans la séquence SEQ.ID. n°6, de préférence consistant dans
ladite séquence SEQ ID N°6 complète, ou une dite séquence complémentaire
selon l'une des revendications 5, 6 ou 9, et

- comme amorce 3' un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une
séquence incluse dans la séquence SEQ.ID. n°7, ou de préférence consistant
dans ladite séquence SEQ ID N°7 complète ou une séquence complémentaire
selon l'une des revendications 7, 8 ou 9..

35 2- on réalise une amplification d'acides nucléiques par réaction de
polymérisation enzymatique et on détermine l'apparition ou l'absence d'un
produit d'amplification, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans
l'échantillon si un produit d'amplification est apparu.

- au moins un mélange d'oligonucléotides selon la revendication 9.

12. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes dans lesquelles :

1- on met en contact au moins une sonde de genre comprenant un dit 5 mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 5 à 9, avec un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et ses dits 4 genres apparentés, et

10 2- on détermine la formation ou l'absence de formation d'un complexe d'hybridation entre ladite sonde de genre et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

13. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes dans lesquelles :

15 1- on met en contact les amores d'amplification comprenant desdits mélanges d'oligonucléotides selon l'une des revendications 5 à 9 avec un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés, et avec :

20 - comme amorce 5', un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans la séquence SEQ.ID. n°6, de préférence consistant dans ladite séquence SEQ ID N°6 complète, ou une dite séquence complémentaire selon l'une des revendications 5, 6 ou 9, et

25 - comme amorce 3' un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans la séquence SEQ.ID. n°7, ou de préférence consistant dans ladite séquence SEQ ID N°7 complète ou une séquence complémentaire selon l'une des revendications 7, 8 ou 9..

30 2- on réalise une amplification d'acides nucléiques par réaction de polymérisation enzymatique et on détermine l'apparition ou l'absence d'un produit d'amplification, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon si un produit d'amplification est apparu.

14. Procédé selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'on cherche à détecter spécifiquement une espèce donnée d'une bactérie du groupe *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés choisie parmi les espèces :

5 *Streptococcus mutans*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*, *Streptococcus suis*, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficile*, *Streptococcus dysgalactiae*, *Streptococcus equi*, *Streptococcus equinus*, *Streptococcus intermedius*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus bovis*, *Streptococcus alactolyticus*, *Streptococcus gallolyticus*, *Streptococcus macedonicus*, *Streptococcus infantarius*, *Streptococcus hominis*, *Granulicatella adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus casselliflavus*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus sacharolyticus*, *Gemella haemolysans* et *Gemella morbillorum*.

procédé dans lequel :

1- on met en contact un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie, avec au moins une sonde d'espèce consistant dans un gène ou fragment de gène selon l'une des 20 revendications 1 à 3, de préférence un oligonucléotide consistant respectivement dans l'une desdites séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, selon la revendication 3, les séquences inverses et séquences complémentaires, et

25 2- on détermine la formation ou l'absence d'un complexe d'hybridation entre ladite sonde et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

15. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce qu'on cherche à détecter une espèce donnée d'une bactérie du genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés choisie parmi les espèces :

30 *Streptococcus mutans*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*, *Streptococcus suis*, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficile*,

14.. Procédé selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'on cherche à détecter spécifiquement une espèce donnée d'une bactérie du groupe *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés choisié parmi les espèces :

5 *Streptococcus mutans*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*,
Streptococcus pyogenes, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*,
Streptococcus suis, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*,
Streptococcus anginosus, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficile*,
Streptococcus dysgalactiae, *Streptococcus equi*, *Streptococcus equinus*,
Streptococcus intermedius, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus bovis*,
10 *Streptococcus alactolyticus*, *Streptococcus gallolyticus*, *Streptococcus macedonicus*, *Streptococcus infantarius*, *Streptococcus hominis*, *Granulicatella adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus casselliflavus*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus sacharolyticus*, *Gemella haemolysans* et *Gemella morbillorum*.

15 procédé dans lequel :

1- on met en contact un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie, avec au moins une sonde d'espèce consistant dans un gène ou fragment de gène selon l'une des revendications 1 à 3, de préférence un oligonucléotide consistant respectivement dans l'une desdites séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, selon la revendication 3, les séquences inverses et séquences complémentaires, et

2- on détermine la formation ou l'absence d'un complexe d'hybridation entre ladite sonde et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine ainsi 25 la présence de ladite bactérie dans l'échantillon s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

15. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce qu'on cherche à détecter une espèce donnée d'une bactérie du genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés choisié parmi les espèces :

30 *Streptococcus mutans*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*,
Streptococcus pyogenes, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*,
Streptococcus suis, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*,
Streptococcus anginosus, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficile*,

Streptococcus dysgalactiae, *Streptococcus equi*, *Streptococcus equinus*, *Streptococcus intermedius*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus bovis*, *Streptococcus alactolyticus*, *Streptococcus galloyticus*, *Streptococcus macedonicus*, *Streptococcus infantarius*, *Streptococcus hominis*, *Granulicatella adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus casselliflavus*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus sacharolyticus*, *Gemella haemolysans* et *Gemella morbillorum*, procédé dans lequel, dans un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre *Staphylococcus*, on effectue les étapes dans lesquelles :

a) on réalise une réaction de séquençage d'un fragment du gène *rpoB* amplifié d'une dite bactérie donnée à l'aide des amorce nucléotidiques consistant dans desdits mélanges d'oligonucléotides comprenant des séquences incluses dans la séquence SEQ.ID. n° 6 comme amorce 5' et SEQ.ID.n° 7 comme amorce 3', de préférence des séquences consistant dans lesdites séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, et lesdites séquences complémentaires, et

b) on détermine la présence ou l'absence de l'espèce donnée de ladite bactérie en comparant la séquence dudit fragment obtenu avec la séquence du gène complet *rpoB* de ladite bactérie ou la séquence d'un fragment du gène *rpoB* de ladite bactérie comprenant respectivement lesdites séquences n° 8 à 35 selon l'une des revendications 1 à 3 et séquences complémentaires, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon si la séquence du fragment obtenue est identique à la séquence connue du gène ou du fragment de gène *rpoB* de ladite bactérie.

25 16 Trousse de diagnostic utile dans un procédé selon l'une des revendications 10 à 151, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un dit oligonucléotide, mélange d'oligonucléotides, ou fragment de gène selon l'une des revendications 1 à 9.

Streptococcus dysgalactiae, Streptococcus equi, Streptococcus equinus, Streptococcus intermedius, Streptococcus mitis, Streptococcus bovis, Streptococcus alactolyticus, Streptococcus galloyticus, Streptococcus macedonicus, Streptococcus infantarius, Streptococcus hominis, Granulicatella 5 adjacens, Abiotrophia defectiva, Enterococcus avium, Enterococcus casselliflavus, Enterococcus faecalis, Enterococcus faecium, Enterococcus gallinarum, Enterococcus sacharolyticus, Gemella haemolysans et Gemella morbillorum, procédé dans lequel, dans un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre 10 *Staphylococcus*, on effectue les étapes dans lesquelles :

a) on réalise une réaction de séquençage d'un fragment du gène *rpoB* amplifié d'une dite bactérie donnée à l'aide des amorce nucléotidiques consistant dans desdits mélanges d'oligonucléotides selon l'une des revendications 5 à 9 comprenant des séquences incluses dans la séquence 15 SEQ.ID. n° 6 comme amorce 5' et SEQ.ID.n° 7 comme amorce 3', de préférence des séquences consistant dans lesdites séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, et lesdites séquences complémentaires, et

b) on détermine la présence ou l'absence de l'espèce donnée de ladite bactérie en comparant la séquence dudit fragment obtenu avec la séquence du 20 gène complet *rpoB* de ladite bactérie ou la séquence d'un fragment du gène *rpoB* de ladite bactérie comprenant respectivement lesdites séquences SEQ ID n° 8 à 35 selon l'une des revendications 1 à 3 et séquences complémentaires, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon si la 25 séquence du fragment obtenue est identique à la séquence connue du gène ou du fragment de gène *rpoB* de ladite bactérie.

16 Trousse de diagnostic utile dans un procédé selon l'une des revendications 10 à 15, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un dit oligonucléotide, mélange d'oligonucléotides, ou fragment de gène selon l'une des revendications 1 à 9.

1/1

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13

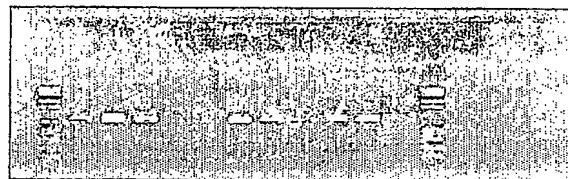


FIG. 1

LISTE DE SEQUENCES

<110> Université de la Méditerranée (Aix-Marseille II) et
Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS

<120> Identification moléculaire des bactéries du genre
Streptococcus

<130> H52437 cas 10

<140>
<141>

<160> 85

<210> 1
<211> 4495
<212> ADN
<213> Streptococcus anginosus

<400> 1
TCATACTTTAGAGTCAGATTTAGCTGCTCTTTGTGCCTGTTTGGGATTTGTCGTTGTCATCAAATTA
AAGATTCTGAAAATTACTCAAAAAGGATAAAATGAAAATTGCTACTCTATTCCATTAATAGAGAAATGTAGAAAGAA
GAAGGAGTAAAAAAACTGGCAGGACATGAAGTTCAATACGGGAAACACCGTACTCGTCGTAGTTTCAAGAATC
AAGGAAGTTCTGATTACCAAATTGATTGAAATCCAGANGGATTGTTCAAAGATTTCTTGACCATGGTTTG
AAAGAAGTATTGAAAGATGTACTCCTATCTCAAACATTACAGATAACAATGGAGCTAGAGTTGGTTATGAA
ATTAAAGGATCTAAATACACTTAAAGAAGCACGTATCCATGATGCCAGCTATTCTGCACCTATTTTGTGACT
TTCCGTTGATTAATAAAGAAACTGGTGAATCAAACCCAAGAAGTGTCTTGGCGATTTCACATGACA
GAAATGGGAACCTTCATTATCAATGGTGGTGGAGCGATTATCGTATCTCAGCTCGTCTCCAGGTGTTAC
TTCAACGATAAAAGTARACAAAATGGTAAAGTTGGTTATGGTCAACTGYCATTCTAACCGTGGAGCTTGGTTA
GAGCTGGAAACAGACTCAAAGATAATTGCTTAACTCGGATTGACCGTACTCGTAAGATTCCGTTACGACACTT
GTCGTGCGCTTGGTTCTGGCGATGATGAAATCTTGCACATTTCGGCGACAGCGATCTCGTCAACACG
ATTGAAAAGGATATTCAATAAAATCAAATGGATTCACTGAGCGATTGACGCTTAAAGAAATCTATGAACGTCTT
CGTCCAGGTGAGCCTAAACAGCTGATAGTTCACTGAGCTTAACTGGTCACTGGTCTCTTGTACATCGTTAC
GACTTGGCGCAGTTGGTGTGTTAAATCAATAAAAATTAAACATTAAACACGTTGTTAAATCAAACGATT
GCAGAGCCTTGGTAGATCCAGAAACAGGTGAAATCTTGGTTGAAGCTGAAACGGTTATGACGCGTAGTGTCA
GATAGCATTGCGAGAATACTTGGACGGTGATTGAAATAAAATCACTTATATCCAAATGATGCGAGCTGTGTTAACA
GAGCCAGTTGTTCTCAAACAGCTGATAGTTCACTGAGCTTAACTGGTCACTGGTCTCTTGTACATCGTTAC
GCCAACCCAGGAGATCGAGTTCACTGAGCTACGCCAGCAGATAATTGGCTGAGATGAATTACTTCTGAAACCTC
GCTGAAGGACTTGGTGTGGACGATATTGACCACTTGGAAATCGTGGATTCTGGCGTTGGTGAATTGCTT
GCTAACCAAGTACGTCTGGCTTGTCTCGTATGGAGCGAAACGTTGGGAGCGCATGAGTGTGCAAGATAATGAA
GTGTTGACACCGCAACAAATCATTAACATCCGCCAGTCACAGCAGCTACAAAGAAATTCTTGGTTCATCTCAA
TTGTCTCAATTATGGACCAACATAATCCACTGTCGARTTGTCTCACAAACGYCCTTGTCCGCCCTGGGACCT
GGTGGTTGACTCGTGTGAYCGTGTGGATATGAARCGTGTGACCGTCACTACACNCACATGGTGTGCTATGTT
GATTGAAACNCCTGAVGGACCAAACATCGGTTGATCAAYAAACTTGTCTTCTTATGGTCANTGAAATAAATATGG
CTTTATCCAAACGCCGTATGTAAGTGRATGTCGAAACAGGTCTGGTCACHAATGAAATGTTGGTTGACAGC
GGANGAAGAAGATGAATTATGAGCGCAAGCAAATTCTAAATTACAGAAAGATGGTGTGTTGCAGAACG
TGTCAATGGGACGTCAACAGGGAAACAACCAAGAATTCTCAGATCARGTRGATTCTCATGGATGTGCGCTAA
GCAGGTAGTTGCCGTTGCGACAGCATGTANTCCNKTCCYTGAAAAGNACGACTCAARCCNTGNTSTCATGGGT
GCCAACATGCAACGTCAGCGTACCGTTGATTGATCCGCATGCACCATAYGYWGGTANATGGTATGGAATACCA
AGCAGANTSAYGAMTCGGTGCCTGATTGACACCGTAAAGTGTMTATTYTGATGCAGGCCAA
GTTGAAGTTCGTCGTGAAGATGGCTCACTGTTATGTTATCATAGNTGACGAAATTCCGCCGTTNAAGTGSTGG
TACGTTGTTACAACACAACAGTAGCGGTTGGTAAAGATTGGCGATACAGNTGTTAAAAGGTGTTAATGACATGGGAAGGT
GACGGACCTCTATGGAAAAGGTGAAATGGCCTTGGACAAAAYCCAATCGTTGCTTATATGACATGGGAAGGT
TACAACTTGAAGATGCCGTTATCATGAGTGAGCGHTTAGTGAAGAGACGATGTTACACATCTGTTCACTGGAG
GAATTGCAATCAGAAACACGTGATACWAAGCTTAGGMCCCTGAAGAAATCACKCGCAGAAATTCCAAACGTYGGTGA
AGATGCCNTTYGASAGACCTTGGACGAAAYGGGRATTATACCGYATTGGTGYCARGTTAAAGAGGGCGACATTC
TTGTTGGTAAAGTCACACCAAAAGGTGAAAAGATCTTCTGCTGAAGAGCGTCTTGCACGCAATCTCGGTG

SEQUENCE LISTING

<110> UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE (Aix-Marseille II) et CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE - CNRS

UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE (Aix-Marseille II) et CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE - CNRS

<120> Identification moléculaire des bactéries du genre *Strepetococcus*

<130> H52 437 cas 10

<160> 52

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 4523

<212> DNA

<213> *Streptococcus anginosus*

<220>

<221> misc_feature

<222> (266)..(2087)

<223> n représente a, t, c, g ou i

<220>

<221> misc_feature

<222> (266)..(4430)

<223> n représente a, t, c, g ou i

<220>

<221> misc_feature

<222> (4430)..(4503)

<223> n représente a, t, c, g ou i

<400> 1

tcatacttt	agagtcagat	ttagctgctc	tttttgtgcc	tgttttggga	tttttgtcgt	60
ttgtcatcaa	aattaaagat	tctgaaaatt	actcaaaaag	gataaatgaa	aattgtact	120
cttattccatt	aatagagaat	gtagaaaagaa	gaaggagtaa	aaaacttggc	aggacatgaa	180
gttcaatacg	ggaaacacccg	tactcgtcgt	agtttttcaa	gaatcaaggaa	agttcttgc	240
ttaccaaatt	tgattgaaat	ccaganggat	tctgttcaaag	attttcttgc	ccatggtttgc	300
aaagaagttat	ttgaagatgt	acttcctatc	tcaaacttta	cagataacaat	ggagctagag	360
tttttgtggtt	atgaaaattaa	aggatctaaa	tacactttag	aagaagcagc	tatccatgat	420
gccagctatt	ctgcacccat	ttttgtgact	ttccgtttga	ttaataaaaaga	aactggtgaa	480
atcaaaaaccc	aagaagtgtt	cttggcgtat	tcccaatca	tgacagaaaat	ggaaacttgc	540
attatcaatg	gtggtgagcgt	gattatcgta	tctcagctcg	ttcgttctcc	agggttttac	600
ttcaacgata	aagtaracaa	aaatggtaaa	gttggttatg	gttcaactgy	cattcctaacc	660
cgtggagctt	ggtttagagct	ggaaacagac	tcaaaagata	ttgcttatac	tcggattgac	720
cgtactcgta	agattccgtt	tacgacactt	gttcgtcgcc	ttggtttttc	tggcgatgat	780
gaaatctttg	acatttcgg	cgacagcgat	ctcggtcgca	acacgattga	aaaggatatt	840
cataaaaatc	caatggattc	acgtacggat	gaagcgttta	aagaaatcta	tgaacgtctt	900
cgtccagggt	agcctaaaac	agctgatagt	tcacgtagtc	tattggtcgc	tcgtttctt	960
gatccacatc	gttacgactt	ggccggcagtt	ggtcgttata	aaatcaataa	aaaattaac	1020
attaaaaacac	gtttgttaaa	tcaaacgatt	gcagaggctt	tggtagatcc	agaaacaggt	1080
gaaatcttgg	ttgaagctgg	aacggttatg	acgcgtatgt	tcattgtatag	cattgcagaa	1140
tacttggacg	gtgatttggaa	taaaatcact	tatattccaa	atgatgcagc	tgtgttaaca	1200
gagccagttg	ttcttcaaaa	attcaaaagt	gtggcgccaa	ctgatccaga	tcgtgtgggt	1260
actattattg	gtaatgc当地	cccaggagat	cgagttcata	cgattacgccc	agcagatatt	1320
ttggctgaga	tgaattactt	cttgaacctc	gctgaaggac	ttggctgtgt	ggacgatatt	1380
gaccacttgg	gaaatcgctg	gattcgtgcc	gttggtaat	tgcttgc当地	ccaagtagt	1440
cttggcttgc	ctcgatgaa	cgaaaacgtt	cgggagcgca	tgagtgtgca	agataatgaa	1500

ACAAGTCACGTGAAGTACGTGATACYTCYCTCGTGTACWCAYGGTGSYGCATGGKGYGYTCGTGATGTGAAA
 ATCTTWACTCGTCSAACCGTGTGATGAAATTGCAATCWGGTGTCAACATGTTGTTACGTGTTWCACNTCGCTCAAA
 ACGKAARAYCAMGTGTYGGRGATAAACATGGCYGGWCGTCACGGAAACAAAGGGGTTGTTCCCGCATTGTTCCAG
 TTGAGGATATGCCGTATCTTCCAGATGGAACACCAACAGTTGATATTATGTTGAACCCACTTGGGGTGCCATCTCGTA
 TGAATATTGGTCAAGTTATGGAGCTTCACCTCGGTATGGCTGCTCGAACCTTGGCATTCACTTGCAACACCAAG
 TATTGACGGGGCTAGCTCAGATGATCTTGGGAAACCGTTGCTGAAAGCTGGCATGGATAGCGATGCTAAGACAA
 TCCTTATGATGGCCGTACTGGTGAGCCATTGATAATCGTGTATCCGTTGGTGTATGTACATGATCAAACCTCC
 ACCATATGGTGTGATGATAAGCTCCATGCCGTTCCGTTGGCCTTATTCAACCGTTACCGAACAAACCTCTGGTG
 GTAAAGCGCAGTTGGACAACGTTGGAGAAATGGAAGTTGGCTTGAAGCCTACGGTGTCTAAG
 TCCTCAAGAAATCTTGACTTACAAGTCAGATGACATCAATGGTGTGAGAGCTTATGAAAGCCATTACCAAAG
 GTAAGCCAATTCCAAAACCAGGTGTTCCAGAATCCCTCGTGTCTTGTAAAAGAATTGCAATCACTGGTCTTG
 ACATGCGTGTCTTGATGAAAGACGACAATGAAAGTCGAACTTCGTGACTTGGACGAAGGCATGGATGATGATGTA
 TTCATGTAGACGATCTGAAAAAGCACGTGAAAAAGCAGCACAAGAAGCAAAAGCCGCTTTGATGCTGAAAGGGA
 AAGAATAAGAACTGATTCAATAGATAATAAAGAAAGTAAGAAATAGTGGTTGATGTAATCGTTTCAAAGTAT
 GCAAATCACCTCTGCTCTCTAGTAAAGTCGCTCTGGCTTATGGAGAAAGTGAAGAAACCTGAAACAATTAA
 CTACCGCACACTAAAACCAGAACCGCAAGGGCTTTTGATGAAAGTCATCTTGGCCTACGAAAGAAGACTGGGAATG
 TGCCTGTGAAAATATAACGGATCTGTTATAAGGAATCATTTGATGACCGTTGGTGTGAAGTAACCTCGTAC
 TAAAGTTCGTCGTGAAAGTGTGACATATTGAGTTGAAAGCCCAGTCTCCTCATATTGGTATTTAAAGGAA
 TTCCAANTCGCATGGGNTGACCTGGACATGAGCCCTCGTGTCTTGAAGAAGTCATNTANTTGCAGCTTATG
 TGGTANTGACCTAAAGATAACNCACCTTGAGCACAAATCATTATGACAGAGCGGGATGGTTNGTGAACGCTGA
 CNTGAATATGCCAAGGCCTTTGTTGCAAAAGGGTGTGAAGCAATCCAAGATCTNNTGAAACANGTAGAC
 NTGGAAAAAGAAATTGCAAGAGCTCAAAGATGAATTAAAACGGCAAGTGGCAAAAGCGCGTAAAMGCTAANTTC
 GTCGNTNNGACTCTTCGATNCTTCCAAAATCATGGTACACAAAACCAGAACTGGATGGTCTAAACCAC
 NTNTCACCGCTCATTCCAGACAC

<210> 2
 <211> 4116
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus equinus*

<400> 2
 CACCGCGTGGTCGACGGCCGGCTGGTGAATTGTCATAAGTTGTTAGTAGTAAATTCCCTTATCAGTGGTGTGATG
 CATGAGCTATAAAATAGTGTACTCATATTGCCACTTTCATCGACATAGCAAAGTCCTTTGTTCAACGGAT
 TTTAAAATGTGGAAGAATTGATTAACACTGCTTCTTCTGTTCTCAGCCACAGAATTAAATTGTAAGGTA
 ACTTTACATAACGTGACATTGATGATAAAATCACCAGGCAAGCCTACGGCTATAAGTTCA
 AGTTCTAACTTTAGCAAAACGATTCTGAAACCTTGGAGATAGATGACGATAGTTATTCAAATTGAAATAAT
 TGTATCAAAGTTGGATTATTAGTCAAAACACCTGTTGAGTTATTGTAACACTTATAGGGCACCGTGGTGA
 CGGCCGGCTGGTAAAGACTTCTGGATAACGGATTAAMAGAAGTTTGAGATGACTTCCGATTACAAACT
 TTACGGATACTATGGAGCTTGAATTGTTGTTACGAAATTGAAAGAGCCTAAGTATACGTTGAAGAAGCTCGTA
 TCCACGATGCATCTTATTCAAGCACCTATTGTAACCTCCGTTGATTAATAAGAAACAGGAGAAATCAAAA
 CTCAGAAAGTTCTCGGTGATTCCAAATTATGACTGAAATGGGTACATTCATCATCACCGTGGTGAACGTA
 TTATCGTTCTCAGTTGGTCGTCTCCTGGTTATTCAACGATAAAAGTTGATAAAAACGGTAAAGTTGGTT
 ACGGTTCAACTGTAATCCCTAACCGTGGAGCATGGCTGTAATTAGAAACAGATTCAAAAGATATTGCTTACACAC
 GTATCGACCGTACACGTAAAATTCCATTACAACCTGTTGACGTGCGTTGGTTCTAGGTGATGATGAAATCA
 TGGATATCTTGGTGTAGCGAACCTGTTGTAACACATCGAAAAGATATTCAACAAAACCCAGCAGACTCAC
 GTACTGACGAAGCTCTAAAGAAATTACGAAACGCCTCGTCAGGTGAACCAAAACAGCTGATAGCTCACGTA
 GCTTGGCTGTAGCTGTTCTTGACCCACGTCGTTATGACTTGGCAGCTGTTGGTGTACAAAATCAACAAAA
 AACTTAACATCAAGACTCGTCTTTGAAACCAAACATCGCTGAAAACCTGTTGATGCTGAAACTGGTGA
 TTGTTGAAGCTGGTACAGTAATGACACAGTGACGTGATTGATTCAATCGCTGATCAATTGGATGGTAC
 AATTGTTACACACCAAAGATTACGCTGTTGTCAGTGAACCTGTTCTTCAAAATTCAAAGTTGTTGAC
 CAAACGATCCAGACCGCGTTGTTACAATCGTTGGTAACGCAAATCCTGATGACAAAGCGCGTGGCTTACACCAG
 CTGATATCTGGCAGAAATGTCTACTTCCCTTAACCTTGTGAAAGGTCTAGGTAAAGTTGATGATATCGACC
 TTGGGAATCGTCGTTCTGGTGAATTGCTGTTGCTAACCAATTCCGTTATTGGTCTTGTGATGTCGTT
 GTAACGTTGGGAAACGTATGTCAGTTCAAGACAACGAAGTGGTACACCCACAAACATCAACATCGTC
 TTACTGCAGCCGTTAAAGAATTCTCGGTTCATCTCAATTGTCACAGTTCATGGACCAACACA
 AGTGTCTCACAAACGTCGTTGTCAGCCTAGGACCTGGTTGACTCGTGACCGTGTGGTTATGAAAGTTC

gttgtgacac cgcaacaaat cattaacatc cgcccagtca cagcagctat caaagaattc 1560
tttgttcat ctcaattgtc tcaatttatg gaccaacata atccactgtc tgarrrttct 1620
cacaacacgyc gtttgcgc cttgggacct ggtggttga ctcgtgaycg tgctggat 1680
gaargtgcgt gacgtcact acacncacta tggctgtatg tggccgattt aaacncctga 1740
vggaccaaaac atcggttga tcaayaactt gtcttctt ggtcanttga ataaatatgg 1800
ctttatccaa acgcccgtatc gtaaagtgra tcgtgaaaca ggtctggtca chaatgaaat 1860
cggttgggtt acagoggang aagaagatga atttattgtt ggcgaagcaa attctaaatt 1920
aacagaagat ggtcggttgc cagaagcgtat tgcattggg cgtcaccatg ggaacaacca 1980
agaatttcct tcagatcarg trgatttcat ggatgtgtcg cctaagcagg tagtgcctgt 2040
tgcgacagca tgcgttccnk ttccytgaaa aygnacgact caarcnctgn tgcattgggt 2100
gccaacatgc aacgtcaagc sgtaccgtt attgatccgc atgcaccata ygywggtana 2160
tggatggaa taccaagcag antsaygamt ctggtgccgc tgattantgc mcaacacgac 2220
ggtaaagggtt tmtattygtt tgcagccaaa gttgaagttc gtcgtgaaga tggctcactt 2280
gtatgtntat catagntgac gaaattccgc cgtnaaact gttggtagt tgcattacaac 2340
acaacgttagc ggstggtaaa agattggcga tacagntgtt aaaaagggtt gtttacgca 2400
gacggacctt ctatggaaaa aggtgaaatg gcrcttggac aaaayccaaat cgttgcattt 2460
atgacatggg aagggttacaa ctgttgaagat gccgttatca tgagtggcgg htagtggaaa 2520
gacgatgtt acacatctgt tcacttggag gaattcgaat cagaaacacg tgatacwaag 2580
cttaggmccct gaagaaatca ckgcgcgaaat tccaaacgty ggtgaagatg ccnntygasa 2640
gaccttggac gaaaygggra ttataccgyt ttggtgcyga rgtttaaagag ggcgacattc 2700
ttgttggtaa agtcacacca aaagggtgaaa aagatcttgc tgctgaagag cgtctcttgc 2760
acgcaatctt cggtgacaaag tcacgtgaaag tacgtgatac ytcycttcgt gtaccwcayg 2820
gtgsygcattg gkgyygtcgt tgatgtgaaa atcttwactc gtgcsaacgg tgatgaattt 2880
caatcwggtt tcaacatgtt ggtacgtgtt wcacntcgct caaaaacgka araycamgtg 2940
tyggrgataa gatggcyygw cgtcacggaa acaaagggtt tggttccgc attgttccag 3000
ttgaggatgat gccgtatctt ccagatggaa caccagtgttattatgtt aaccacttgc 3060
gggtgcccattc tcgtatgaaat attggtcaag ttatggactt tccactcggt atggctgctc 3120
gcaaccttgg cattcacatt gcaacacccag tatttgcgg ggttagctca gatgatctt 3180
gggaaaccgt tcgtgaagct ggcattggata ggcattgttcaaa gacaatccct tatgtatggcc 3240
gtactgggtga gccatttgat aatcggttat cccgttggat catgtacatg atcaaaactcc 3300
accatatggt tgatgataag ctccatgccc gttccgttgg tccttattca accgttacgc 3360
aacaacctct tgggtggaaa ggcagtttgc ttggacaacg ttttggagaa atggaaagttt 3420
gggctcttga agcctacggc gttcttaacg tccttcaaga aatcttgact tacaagtca 3480
atgacatcaa tggtcgtttg agagctttag aagccattac caaaggtaag ccaattccaa 3540
aaccagggtt tccagaatcc ttccgtgtcc ttgtaaaaga attgcaatca cttggcttttgc 3600
acatgcgtgt cttgtatgaa gacgacaatag aagtcaact tcgtgacttgc gacgaaaggca 3660
tggatgatgat tgcatttcat gtagacgatc ttgaaaaggc acgtgaaaaaa gcagcacaag 3720
aagcaaaagc cgctttgtat gctgaaggaa aagaataaga actgattcaa tagataataa 3780
agaaaggtaa gaaatagtgg ttgtatgttcaaa tcgtttcaaa agtatgcaaa tcacccttagc 3840
tttcctcgtt aaagtccgct cttggtctta tggagaagtg aagaaacctg aaacaattaa 3900
ctaccgcaca ctaaaaaccag aacgcgaagg gcttttgc gaaagtcatct ttggccttac 3960
gaaagactgg gaatgtgcgt gtggaaaata taaacggatt cgttataaaag gaatcatttgc 4020
tgaccgttgtt ggtgttgaag taactcgatc taaagttcgat cgtgaacgtt tgggacatata 4080
tgagttggaaa gccccagttc cctcatattt ggtattttaa aggaattcca antcgcatgg 4140
gcntgacctt ggacatgagc cctcggtctc ttgaagaagt catntanttt gcagctttag 4200
tggtgantga ccctaaagat acnccacttgc agcacaatc cattatgaca gagcgggatg 4260
gttngtgaac gctgacntga atatggccaa ggctcttttgc ttgcaaaaat ggggtgtgaa 4320
gcaatccaag atctnntgaa acangtagac ntggaaaaag aaattgcaga gctcaagat 4380
gaattaaaaaa cggcaagtgg gcaaaagcgc gtaaamgcta anttcgtcgn tnngactt 4440
ttcgatnctt tccaaaaatc atggatcaca aaaccagaac tggatggtct taaaccatcn 4500
ntntcaccgc tcattccaga cac 4523

<210> 2
<211> 4118
<212> DNA
<213> *Streptococcus equinus*

<400> 2
cacgcgttgtt cgacggcccg ggctgggtgaa ttgtcataag ttgtgttagta gtaaattccc 60
ttatcgttgtt tgatgcattt gctataaaata gtgtactcat atttgcactt ttcattcgaca 120
tagcaaaagtc cttttgttgc ttcaacggat tttaaaatgt ggaagaattt attaactg 180

GTGACGTGCACTACACTCACTATGGCGTATGTGTCGATTGAAACTCCTGAAGGACCTAACATCGGTTGATCA
 ATAACCTGTCAACATACGGACACCTTAATAAATATGGTTCATCCAAACACCATATCGTAAAGTTGACCGCGCTA
 CAGGTGTGATTACAAACGAAATCGTTGGTGAACGCTGCGATGAAGAAGATGAATAACACAGTAGCACAGGCTA
 ACTCAAACCTAACGAAGATGGAACATTGCTGAAGACATCGTTGGGACGTCACCAAGGTAAATAACCAAGAGTCC
 CAGCAAGCGTGTGTTGACTTCGTAGACGTTCACCTAAACAAGTAGTTGCCGTGCGACAGCATGTATTCCCTTCC
 TTGAAAACGATGACTCTAACCGTGCCTTATGGGTGCCAACATGCAACGTCAAGCGGTGCCATTGATTGATCCAC
 ACGCACCATATGTTGGTACTGGTATGGAATATCAAGCAGCCCACGACTCAGGTGCTGCACTTATCGCTAACACG
 ATGGACGCGTTATCTCTGATGCTGAAAAAGTTGAAGTTCGTCGCGAAGATGGTCACTTGATGTTACCACA
 TTACTAAATTCCGTCGTTCTAACCTCAGGTACAGCTTATAACCAACATACACTTGTAAAGTTGGCGATATCGTTG
 AAAAAGGTGACTTCATCGCTGATGGTCTTCATGGAAAAGGTGAAATGGCCCTGGTCAAAACCCAATCGTCG
 CTTACATGACKTGGAAAGGTTACAACCTCGAGGATGCCGTTATCATGCTGAAACGCCCTGTGAAAGATGATGTC
 ATACATCTGTTACTTGAAGAATACGAATCAGAACACGTGATACTAAGTTAGGCCCTGAAGAAATCACTCGCG
 AAATTCCAACGTTGGTGAAGATGCCCTTCGCAACTGGACGAAATGGGATTATCCGTATTGGTGCAGGTTA
 AAGAGGGCGACATTCTGGTAAAGTCACACCAAAAGGTGAAAAGATCTTCTGCTGAAAGAGCGTCTCTG
 ACGCAATCTCCGGTACAAGTCACGTGAACTGATACCTCTCGTGTACCTCACGGTGCCGATGGTGC
 TTCGTGATGTTAAAGTCTTACTCGTGCACGGTGTGAAATTGCAATCAGGTGTTAACATGTTGGTCTGTT
 CACATCGCTAAAAACGTAAGATCAAGGTGGAGATAAGATGCCGTTACGTTGAAACACCAGYTGACAWCATG
 ACCTGGTCAACAGGCTCTGGTACCTCGTGTACCTCACGGTGCCGATGGTGC
 GGTGCCATCWCCTGATGAAACATCGGACAAGTTATGGAGCTTCACCTGGTATGGCTGCTGTAACCTTGGTATTCA
 CATTGCAACACCAGTCTTGTGATGGGCAACTTCTGAAAGACCTTGGGATAACAGTTAACGAAAGCTGGTATGGCTAG
 CGACGCTAACAGACAGTCTTACGATGGACGTACTGGTGAACCATTTGATAACCGTGTGTCAGTTGGTGT
 CATGTA
 CATGATTAAACTTCACCACATGGTGTGAAACAGTTACGTCAGTTGGCCTACTCACTTGTACGCA
 ACAACCTCTGGTGGTAAAGCACAATTGGTGGACAACGTTGGTAAAGTGGAGTTGGGCTTGGAAAGCTTA
 CGGTGCATCAAATGTTCTCAAGAAATCTGACTTACAAATCAGATGTCACGGTGTCTAAAGCTTATGA
 AGCCATCACTAAAGGTAAACCAATTCCAAAACCAGGTGTTCCAGAAATCATTCCGAGTTCTTGTAAAAGAATTGCA
 ATCACTTGGTCTTGCACGTTGATGATCTGAAAAGCTGTCAAAACAGAAGCAGAAGAAGCGGAAAAGC
 AGATGACGATGTTATGCACTGGTGTGATGATCTGAAAAGCTGTCAAAACAGAAGCAGAAGAAGCGGAAAAGC
 AGAAGTTCTGCAAGAAAACAAATAATAGGAAAGAACATTGACATGAGAGAGGCAAGACCTGCTCTCTG
 GTCAAGATTGTTGATTGAGTCTATAACGATAATGATGTTACGAAATCATGAAATTGTAAGTCATGACAGTTA
 GAAAGTAGCGCAGCTATTCAAAGTCATAAGGTTACGTTACAGCCGGCGTC

<210> 3

<211> 3392

<212> ADN

<213> *Abiotrophia defectiva*

<400> 3

ATATAGGGCACCGTGGTCACGGCCGGCTGGCTTAAACAAACATGTAACGTCACTCCGATG
 AGTTGGTCTGTTGTTTGTGCTTCAAAAGACGAAAATGTCATTGTCACAAATTAT
 TAATAATTGTAACCTTAATGTAAGTGGTGTCTTAGATTATATTAGGGGTGAATCGCTTGA
 GTCATATCGTAAATACGGTAAAAAGCTGAGCGTCAAGCTATGCGGTATCGACGAAGTCTT
 AGAGTTGCCAACCTGATTGAAATCCAACGGATTCCACAAATGGTCTTGGATGAAGGGCTA
 AAAAGTGTGTTGAGGACATTGCGGATTGTCGACCATTCGGAGAACCTGGAACTTCATTTG
 TAGACTATGAGTTCAAGGAAGCTAAGTATAGCTTAGAAGAAGCTCGTAGCATGACGCTAACTA
 CTCAAAACCAATCTATGTAACCTGCGCTGTTCAACAAAGAGACAGGTGAAGTCAAAGAACAA
 GAAGTCTCTGGGACTTCCCAATCATGACCGAAATGGGACCTTCATATCAACGGGGCGG
 AACGGGTTATCGTTCCAGTTGGTACGTTCTCCAGGTGTCTACTTCCACGACCGTATGGACAA
 GAAAGGCCACAGCTATACTTCTACGGTTATTCCCTAACCGTGGGCTTGGTGGAAATTGAA
 TCAGATGCTAAGGGATTGCGCTACGTCGCTATTGACCGGACCCGGAAAGATCCATTGACTGTCT
 TGATGCGTGCCTTAGGTTGGTTCAGATGACGAGATTATGATATCTTGGCCAATCTGAGCT
 CTTAGACTTAACATCGAGAAGGATGTTCAACAAACATTCAAGACTCTCGTACGGAAGAACCC
 TTGAAGGACATTACGAGCGTCTCGTCCAGGTGAACCTAACGACCGCAGAAAGCTACGTAACC
 TCTTGGTTGCGCGCTTCTCGACCCACGTCGCTATGACTTAGCACCTGTAGGTGTTATAAGAT
 CAATAAAAAGCTCCACCTCAAGAACCGTTGGTGGCTGACTTGGCTGAAACCTTGGTTAAC
 CCAGAAACAGGCGAAGTGTCTTGAAGAAGGAACGGTCTTGGATCAAGAACGTGTTCAAGCCC
 TGATTCCATACCTAGAGGCTGGCTGAATAAGGTAACCTCTATCCTCTGAAGATAGTGTGGT

ctttcttcgt	tttcttcagc	cacagaattt	aattttgtaa	aagtaacttt	tacataacgt	240
gacattgtat	ataaaatcacc	aggcaagcca	agtccaccca	tgccacggct	ataagttca	300
agttctaaact	ctttagcaaa	acgattttct	gaaacctttg	gagatagatg	acgatagttt	360
ttcaaaattgt	ataattgttt	atcaaaaagtt	ggattattag	tcaaaaacacc	tggttagtta	420
ttcgttaaact	tatagggcac	gctgtggtcga	cggccgggc	tggttaaagac	ttcttgata	480
acggattaam	agaagttttt	gaagatgtac	ttccgattac	aaactttacg	gatactatgg	540
agcttgaatt	tggtggttac	gaattgaaag	agcctaagta	tacgcttggaa	gaagctcgta	600
tccacgatgc	atcttattca	gcaccttattt	ttgttaacctt	cggtttgatt	aataaagaaa	660
caggagaaaat	caaaaactcaa	gaagttttct	tcggtgattt	cccaattatg	actgaaatgg	720
gtacattcat	catcaacgggt	ggtgaacgta	ttatcggttc	tcagttgggt	cggttctctg	780
gtgttatttt	caacgataaa	gttgataaaa	acggtaaaagt	tggttacggt	tcaactgtaa	840
tccctaaccg	tggagcatgg	cttgaattag	aaacagattt	aaaagatatt	gcttacacac	900
gtatcgaccg	tacacgtaaa	attccattta	caactttgt	acgtgcgcgtt	ggtttctcag	960
gtgatgtat	aatcatggat	atctttgggt	atagcgaact	tggtcgtaac	acaatcgaaa	1020
aagatattca	caaaaaccca	gcagactcac	gtactgacga	agctttaaaa	gaaattttacg	1080
aacgccttcg	tccaggtgaa	ccaaaaaacag	ctgatagctc	acgttagctt	ctttagtctc	1140
gtttcttgc	cccacgtcg	tatgacttgg	cagctgttgg	tcgttacaaa	atcaacaaa	1200
aacttaacat	caagactcg	cttttgaacc	aaacaatcgc	tgaaaactt	gtttagtctg	1260
aaactggtga	aatccttgc	gaagctggta	cagtaatgac	acgtgacgt	attgattcaa	1320
tcgctgatca	attggatgtt	gaccttaaca	aattttttt	cacaccaat	gattacgctg	1380
ttgtcaactg	acctgttgc	cttcaaaaat	tcaaaagtgt	tgccaccaac	gatccagacc	1440
gcgttgc	aatcggttgc	aacgcaaattc	ctgatgacaa	agcgcgtgc	cttacaccag	1500
ctgatatctt	ggcagaaatg	tcttacttcc	ttaaccttgc	tgaaggtcta	ggtaaagtt	1560
atgatatcg	ccaccttggg	aatcgctcg	ttcgtgcgt	tggtgaat	cttgcttaacc	1620
aattccgtat	tggtcttgc	cgtatggaa	gtaacgttgc	ggaacgtatg	tcagttcaag	1680
acaacgaagt	gttgacacca	caacaaatca	tcaacattc	tcgttgcgt	gcagccgtt	1740
aagaattctt	cggttcatct	caattgtcac	agttcatgga	ccacacaaac	ccacttctg	1800
agttgtctca	caaacgtcg	ttgtcagcct	taggacctgg	tggtttgact	cgtgaccgt	1860
ctggttatga	agttcggtac	gtgcactaca	ctcactatgg	tcgtatgtt	ccgattgaaa	1920
ctcctgaagg	acctaacatc	ggtttgc	ataacttgc	aacatacgg	cacctaata	1980
aatatggttt	catccaaaca	ccatatecgta	aagttgaccg	cgctacagg	gtgattacaa	2040
acgaaatcgt	ttgggttgc	gccgatgaag	aagatgataa	cacagtagca	caggtaact	2100
caaaaacttaa	cgaagatgg	acatttgc	aagacatcg	tatggacgt	ccaaaggt	2160
ataaccaaga	gttcccagca	agcgttgc	acttcgtaga	cgtttcc	aaacaagtag	2220
ttggccgttgc	gacagcatgt	atcccttcc	ttgaaaacga	tgactcta	ctgtccctt	2280
tgggtgc	catgcaacgt	caagcggtgc	cattgattga	tccacacgca	ccatatgtt	2340
gtactgttat	ggaatataa	gcagcccacg	actcaggtgc	tgca	gtaaacacg	2400
atggacgcgt	tatcttct	gatgtat	aagttgaat	tcgtcg	cgaa	2460
ttgtatgtt	ccacattact	aaattccgtc	gttctactc	aggtacag	tataacca	2520
atacacttgt	taaagtggc	gatatcggt	aaaaaggt	cttcatcg	gtggcctt	2580
caatggaaaa	aggtgaaatg	gcccttggc	aaaaccaat	cgtcg	ttac	2640
aaggttacaa	ttcgggat	gccccac	actcaggt	tgca	gtaaacacg	2700
atacatctgt	tcacttggaa	gaatacgaat	cagaaacacg	tcgt	cg	2760
aagaatcac	tcgcgaaatt	ccaaacgtt	gtgaagatgc	ccttcg	caac	2820
tgggattat	ccgttgc	gccgaagtt	aagagggcga	cattctt	gtt	2880
cacaaaagg	tgaaaaagat	cttctgc	aagagcgt	cttgc	acgc	2940
acaagtacg	tgaagtacgt	gataccttc	ttcgttgc	tcacgg	gttgc	3000
ttcgtgatgt	aaaaatctt	actcgtcc	acgg	gtat	gatgtt	3060
tgttgc	tgttccat	cgtcaaaaa	cgtaagat	agg	tcgg	3120
ggtcgtccac	ggtaacaagg	gtgtcg	acttaywgt	ctgtt	ggagg	3180
tctccagat	ggaacaccag	ytgacawcat	gttgaaccca	ctsggggtgc	catcwcgtat	3240
gaacatcg	caagttatgg	agttcacct	ttgtatggct	gctcgt	taacc	3300
cattgcaaca	ccagtcttgc	atggggcaac	ttctgaagac	cttgggata	cagttacacg	3360
agctggat	gctagcgacg	ctaagacagt	tcttacat	ggacgtact	gtgaaccatt	3420
tgataaccgt	gtgtcagtt	gtgtcatgt	catgattaa	cttc	cacc	3480
taaacttcac	gcacgttc	ttggcctt	ctcacttgc	acgca	acac	3540
taaagcacaa	tttggggac	aacgttgc	tgaatggaa	gttgggctt	tggaa	3600
cggtcatca	aatgttctt	aagaatctt	gacttacaa	tcagat	gtat	3660
tcttaaagct	tatgaagcca	tcactaaagg	taaaccatt	cggaa	ccac	3720
atcattccga	gttcttgc	aagaattgc	atcacttgc	ttgacat	gcgt	3780
tgaagatgac	aatgaagtag	aacttcgt	tcttgatgaa	ggtgaagat	acgatgtt	3840

AGCTCAACCAATTGATTTACAAATCATCAAAGTTATTCAACCTAACGAGCAAGTGATT
 AACATCATCGGTAAACGGGAACATTGAGAAGGATTAAGTGCTTGACGCCAGCTGACATTATTGCGT
 CAATGAACTACTATCTCTATTAGACCAAGGAATTGGGTGACAGATGATATCGACCACCTGGC
 TAACCGTCGTATTGTTCACTGGGTGAAATTGCAAACCAATTCCGTATCGGGCTATCCGG
 ATGGAACGGGTAGTGCCTGAACGTATGTCGCTCCAAGATGTTGCACCACACACCGCAACAAT
 TGATTAACATTGTCAGTACTGGGGCTATTAAAGGAATTCTCGGTTACCGCAGTTGTCACA
 ATTCACTGGACCAAGTTAACCCACTCGGGAAATTGACCCACAAACGTCGTCTGTCAGCCTAGGG
 CCTGGTGGTTGACGCCGGACCGTGCCTGCTATGAAGTGCCTGACGTTCACTACTCTCACTACG
 GCCGTATGTCGCTAACGACGCCAGAAGGTCTAACATCGGGTTGATTAACAGCTTGTCTTC
 TTATGCAAGATTAACAAGTATGGTTATTGAGACGCCTAACGCTAAAGTGGACAAATCGGTT
 ACGCCACACCGTGTCAAGACCGAAATTGACTACCTAGCAGCGGACGAGGAAGACTGTACGTAG
 TAGCCCAAGCCAACCTCAAACGAAAGACGGGACCTCGCCAATGACCTAGTTATGGCGCG
 TTTCGTTCAACAAACATTGAGGTTAACGTTGACCAAGTAGACTACATGGACGTATGCCAAAA
 CAGGTTGTCGCTGCGACTGCTAGCATTCCGTTTGGAAAACGACGACTCCAACCGGGGCT
 TGATGGGTGCCAACATGCAACGTCAAGCTGCACTTATTAAATCCACAATCCCCACTGATTGG
 GACTGGGATGAAATATAAGGACGACACGACTCTGGGCTGCGCTTATGTAAGCGGCCGGT
 GAAGTGGTTATGTCATGCTAACAGGTGCGCTGCGACTCCAGAAGGTGAAGTTGACGAAT
 ACCGTTAACCAAGTTGCACGTTCAACGCTGGGACCTGTTAACACCAACGTCCAATCGTAGA
 ATTAGGCAGCAAGTTGATGCCTGGAAATCTTAGCAGATGGTCATCTATGCAAATGGGAG
 ATGCCCTCGTCAAAACCCACTGGTAGCCTCATGACTTGGGAAGGGTATAACTATGAGGACG
 CGGTTATCATGCTGAAAGTCTGGTCAAAGACGATGTTATACCTCTATCCACATTGAAAGATA
 TGAATCAGAGTCCCCTGAYACYAAGTTAGGCCCTGAAAGAAATTACACCGAAATTCCAACGTG
 TCCGAAGATGCCCTCAAGTACTTAGACAAAGACGGGATTATCTGTATCGGGCGGAAGTAAAG
 ACGCGATATCTTAGTGGTAAGGTAACACAAAAGGTGTGACCGAGTTGCTCTGCCAGAAACG
 CTTGCTCCATGCTATCTGGTGAGAAGGCCGTGAAGTACGTGATACTCTTGCCTGCGGCC
 CACGGCGGGGGCGGGATTGTCACGACGTTAAATCTTACCCCGGAAGCTGGCGACGAATTGG
 CACCAAGGTGCAACAAGCTAGTCCCGTCTACATCGTACAAAACGTAAAATCAATGAAGGGGA
 TAAGATGGCCGGTCGTACGGTAACAAAGGGTTGTCCTCCATTACATGCCGAAGAAGATATG
 CCATTCTTACCAAGATGGTACCCAGTTGATATCATGTTGAAACCATTAAGGGTTCCATCCCGTA
 TGAACATCGGGCAAGTCTAGAGTTACACTGGGATGGCTGCTCGGAATGGGATCAAGAT
 TGCAACACCTGCTTGCACGGTGTAGTGAAGAAGATGTCGGGAAACAGTTAAGGAAGCCGGC
 TTAGAAGCTGACGCTAACAGTATCTTATATGTTGCGAACCGGTGAACCATTTGACCGTAAAG
 TCTCTGTTGGGTTATGTCATGATTAAGTGGCCACATGGTCGATGACAAGTTGCAACGCCCG
 TTCAACAGGTCCATACTCTCGGTTACCAACAACATTGGGTGGTAAAGCTCAATTGGTGGG
 CAACGTTCCGGGAGATGGAGGTTGGGCCCTA

<210> 4
 <211> 3198
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus mutans*

<400> 4
 GGACCCTTTATGACTCTGGATACAGGTCTGAAGGAAGTTTGAAAGATGTGCTTCAATT
 CCAATTTCACAGACACTATGAAATTAGAGTTGTTGAGTTGAAAGAGCCTAAGTATAC
 ATTGGAAGAACGACGGTGTCTGATGACACATTCTGCCCATCTTGTACTTCCGTCTC
 ATCAATAAAAGAAACTGGTGAATAAGACACAAAGTATTGGTGTGATGTTCCCTGATGA
 CTGAAATGGGTACTTTATTAAATGGTGTGACCGTATTATCGTTCTCAGTTGTCAGTT
 ACCAGGTGTTATTAAATGATAAAAGGGATAAAATGGAAAATTGGCTATGGTCAACTGTT
 ATCCCTAACCGCGGTGCTTGGCTTGAGCTGAAACGGACTCTAAGGATATTGCTTACTCGTA
 TTGATCGTACTCGTAAATTCCCTTACGACGCTGGTCTGCACTCGTTTTCCGGGATGA
 TGAGATTATGATATTGGTGTAGCGAATTGGTCTGTAATACCAATTGAAAAGATATCCAT
 AAAAATCTAACGACTCTCGTACAGATGAAAGCTCTCAAGGAANTTATGAAACGTCTCGTCCGG
 TGAACCTAAACGGCAGATTNCNTCACGCACTCTGATGTCAGTTGACGTTCTGATGCCGT
 TATGATTAGCAGCTGTTGGCCGTATAGATAATAAGAAGTTAACGTCAAACGGTCTTGAA
 TCAAGTCATGGCTGAAAANNAGTAGATCTGAAACAGGCAGATTCTGATGGAGATCTCAATAAATTG
 GAAATGACACGCACTGTAATTGATTGATTCAGATTGAGATTCTGATGGAGATCTCAATAAATTG

gcacgttgat	gatcttgaaa	aagctcgta	aaaacaagaa	gcagaagaag	cggaaaaagc	3900
agaagttct	gcagaagaaa	acaaataata	ggaaagaaca	ttcagacatg	agagaggcaa	3960
gacctgctc	tcttggtcag	attgttgat	tgagtcctat	aacgataaat	gatgtcttac	4020
gaatcatgaa	tttgtaagtc	atgacagtta	gaaagttagcg	cagctatttc	aaagtcataa	4080
gaaggtatca	tggtgacgta	atcgttacag	ccggcgctc			4118

<210> 3
 <211> 3425
 <212> DNA
 <213> Abiotrophia defectiva

<400> 3						
ataataggca	cgcgtggtcg	acggcccggg	ctggtcctaa	acaacatgt	acgtcactcc	60
gatgagttgg	ttctgttg	ttttttttgc	gcttcaaaga	ccgaaaaatg	tcatttg	120
acaattatta	ataattgtaa	ccttaatgt	aagtgggtt	tttagattat	attatagggg	180
tgaatcgctt	gagtcatatc	gtgaaatacg	gtaaaaaagc	tgagcgtcga	agctatgcgc	240
gtatcgacga	agtcttagag	ttgccaact	tgattgaaat	ccaaacggat	tcctacaaat	300
ggttcttgg	tgaaggcata	aaagtgtatgt	tcgaggacat	ttcgcggatt	gtcgaccatt	360
cggagaactt	ggaacttcat	ttttagact	atgaggtaaa	ggaagctaa	tatagcttag	420
aagaagctcg	tagccatgac	gctaactact	caaaaccaat	ctatgttaacc	ttgcgcctgt	480
tcaacaaaga	gacaggtgaa	gtcaaaagaac	aagaagtctt	tttcggggac	ttcccaatca	540
tgaccgaaat	ggggaccttc	attatcaacg	gggcgaaacg	ggtttagtcgt	ttccagttgg	600
tacgttctcc	agggtgtctac	ttccacgacc	gtatggacaa	aaaaggccgc	cacagctata	660
cttctacgg	tattcotaac	cgtggggctt	ggttgaatt	tgaatcatgat	gctaagggg	720
ttgcctacgt	ccgcattgac	cggacccgg	agattccatt	gactgtctt	atgcgtgcct	780
taggtttgg	ttcagatgac	gagattttag	atatcttcgg	ccaatctgag	ctcttagact	840
taactatcga	gaaggatgtt	cacaaaaaca	ttcaagactc	tcgtacggaa	gaaggcttga	900
aggacattta	cgagcgtctc	cgtccagggt	aacctaagac	cgcagaaagc	tcacgtaacc	960
tcttgggtgc	gwgcttcttc	gaccacggtc	gctatgactt	agcacctgt	ggtcggtata	1020
agatcaataa	aaagctccac	ctcaagaacc	ggttgggtgg	tttgacttt	gctgaaacact	1080
tggtaaccc	agaaaacaggc	gaagtgtctc	ttgaagaagg	aacggcttgc	gatcaagaac	1140
gtgttcaagc	cctgatttca	tacttagagg	ctggcttga	taaggtaacc	ctctatcctt	1200
ctgaagatag	tgtggtagct	caaccaattt	atttacaaat	catcaaagg	tattcaccta	1260
agaacgccga	gcaagtgtt	aacatcatcg	gtacgggaa	cattgagaag	attaagtgt	1320
tgacgcccgc	tgacattatt	ggtcaatga	actactatct	ctattttagac	caagggattt	1380
gtgtgacaga	tgatatcgac	cacttggct	accgtcgtat	tcgtttagtc	ggtgaattt	1440
tgcacaaacca	attccgtatc	ggctatccc	ggatggaaacg	ggttagtgcgt	gaacgtatgt	1500
cgcttccaga	tgttgcgacc	atcacacccgc	aacaattgt	taacattcgt	ccagtagtgg	1560
cggcttattaa	ggaattcttc	ggttcatccc	agttgtcaca	attcatggac	caagtttaacc	1620
cactcgggg	attgaccac	aaacgtcg	tgtcagcctt	agggcctgg	ggttgcgc	1680
gggaccgtgc	cggtatgaa	gtgcgggacg	ttcactactc	tcactacggc	cgtatgtgt	1740
caatcgagac	gccagaagg	cctaacatcg	ggttggattaa	cagttgtct	tcttatgcca	1800
agattaacaa	gtatgggtt	attgagacgc	cttaccgtt	agttggacaaa	tcgggttacgc	1860
cacaccgtgt	cacgaccgaa	attgactacc	tagcagcga	cgaggaagac	ttgtacgtag	1920
tagcccaagc	caactctaaa	ctcaacgaa	acgggacctt	cgccaaatgac	ctagttatgg	1980
cgcgtttccg	ttcacaaaac	attgagggtt	acgttgacca	agtagactac	atggacgtat	2040
cgcacaaaaca	ggttgcgct	gtcgcgactg	ctagcatcc	gttcttggaa	aacgacgact	2100
ccaaacgggg	cttggatgggt	gccaacatgc	aacgtcaagc	tgtgcccact	attaatccac	2160
aatccccact	gattggact	gggatggaaat	ataaggcagc	acacgactct	ggggctgcgc	2220
tcttatgtaa	gwgccgggt	gaagtgggtt	atgtcgatgc	taacaagggt	cgcggtgc	2280
ctccagaagg	tgaagttgac	gaataccgtt	taaccaagg	tgcacgtt	aacgcttgg	2340
cctgttacaa	ccaaacgttca	atcgtagaat	taggcgacca	agttgtatgc	ttggaaatct	2400
tagcagatgg	tccatctatg	caaaatgggg	agatggccct	cggtcaaaac	ccactggtag	2460
ccttcatgac	ttggggaggg	tataactatg	aggacgcgtt	tatcatgtct	gaacgtctgg	2520
tcaaagacga	tggttataacc	tctatccaca	ttgaagaata	tgaatcagag	tcccgtgaya	2580
cyaagtttag	ccctgaagaa	attacacgcg	aaattccaaa	cgtgtccgaa	gatgcctca	2640
agtactttaga	caaagacggg	attatctgt	tcggggcgg	agtaaaagac	ggcgatatct	2700
tagttggtaa	ggtaacacca	aaaggtgtga	ccgagttgtc	tgccgaaagaa	cgcttgctcc	2760
atgtatctt	cggtgagaag	gcgcgtgaag	tacgtgatac	ttccttgcgt	gtgccacacg	2820
gcggggccgg	gattgtccac	gacgttaaaa	tcttacccg	cgaagctggc	gacgaatttg	2880
caccagggtgt	caacaagcta	gtcccgct	acatcgtaaa	aaaacgtaaa	atcaatgaag	2940

TTTATACGCCAATGAATACGCTGTTTGACAGAACCTGTTCTCAAAATTCAAAGTTATGGCTCCAAATGATCCAGACGGCACGGTTACTGTTATTGGTAATGCCAGTCAAGATGACAAAGTACGTCACTTGACACCAGCCGATACGTATTAGCTGAAATGTCTTATTCCCTTAACCTGGCTGAGGTNTAGGTAAGTTGATGATATTGACCATTAGGCAACCGACGTATTCTGCTGTTGGTGAATTGCTGCTAATCAATTCTGTTGGTGGCACGTATGGAACGCAATGTTGCTGAAACGCATGTCCGTTCAAGATAATGAAGTCTTAACGCCACAACAGATTATTAACATTGCCCTGTAACAGGCCAACTAAAGAGTTTTGGTTCTCTCAATTGTCACAGTTCATGGACCAACACAATCCACTGTCTGATTGTCTCATAAACGCCGTTGTCAGCTTAGGCTCTGGTGGTTAACACCGGACCGTGTGGTTATGAAAGTCCGTGATGTCACTATACGCAATTGGTCGATGTCCTCAATTGAAACGCCTGAAGGACCAAAATATTGGATTGATTAATAACTGTCCTCTATGGTCATCTTAATAAAATATGGATTATCAAACACCCATACCGTAAAGTTGACCGTGAGACAGGTAAGTAACCAATGAAATCGAATGGCTTACTGCTGATGAAAGAAGATGAAATTCACTGTCAGGCTAACTCAAAACTCAATGAAAGATGGAACTTTGCTGAAGAAATCGTCATGGGACGTCAAGGAAATAACCAAGAGTTCCAGCAAGTTCGTTGAATATATGGATGTTCTCTTAAGCAGGTAGTTGCGGTAGCGACAGCATGTTATCCCTTCCTGAAAATGATGACTCAACCGTGCCCTTATGGGAGCTAACATGCAAGGCCAAGCTGTGCCATTGATTGATCTAAAGCACCTTTGTTGAACTGGTATGAAATATCAAGCAGGCCATGATTCTGGAGCCGCTATTATCGCTCAACATAATGGGAAAGTGGTTATTCCGATGCAAGATAAGATTGAAGTTCGCGCGTGAAGATGGCTCACTAGATGTTATCATGTTACCAAATTCCGTCGTTCAACTCTGGAACTGCCCTACAATCAACGTAACCTGTTAGGGTAGGCCATAGTGTGAGAAGGGGGACTTTATGCAAGATGGCTCTTATGGAAAAGGGTGAAGATGGCTCTGGACAAAATCCAGTGGTGCTTACATGACTTGGGAGGGTTACAACCTGTAAGATGCTTTATCATGAGCGAGCGTCTTGTCAAGGATGATGTTTAACTCTGTCATTTAGGAAATTCGATGAAACTCTGAAAGACCTTGATGAAATGGGAAATTATCGCATTGGTGCTGAGGTTAAAAGAAGGTGATATTCTAGTGTGAAACTGACTCCTAAAGGAGAAAAGATCTTCTGCAAGAACGCCTCTGCATGCCATTGGTGACAAATCACGTGAAGTTGCTGATACTCTCTCGTGTACCTCATGGTGGCGACGGTGTGTTGTGATGTAAGAAAATCTTACACGTGCTAATGGAGATGAACTTCATCAGGTGTTAACATGCTGGTCTGTTATATCGCTCAAAACGTAAAATCAAGGTGGAGATAAGATGGCCGGACGTATGGTAACAAGGGTGTGGTTATTGTACAGTGGAAAGATGCCATATCTCCAGATGGAACACCTGTTGATATCATGCTTAATCCACTGGGGTGCCATCACGGATGAAACATTGGGCAAGTTATGGAACCTCATCTGGTATGGCTGCTGTAATTGGGCAATTGATATTGCAACGCCGTGTTTGACGGAGCAACTCTGATGATCTTTGGGAAACAGTAAAAGAAGCCGGTATGGATTCTGATGCTAAAACGTTCTTATGATGGTCCGCACAGGGGAGCCGTTGATAATCGTGTATCAGTTGCTGTTATGTTATGATGAAACTAAACCTCACCACATGGTTGATGAYAACCATTTGTCTATGCAAGWTCAGTTGGCCCTTAKTCAAAGWATAMTCAGASGARTTCTGCTWGGTAAAGGCTNCAATTGCTTTAGAGGTTAAGGCTGGTGAATAACGGTATGCTGGTATTGATGCCAATGGCAAGTGAATANTCAACACCGGGCGTCTACACCGTGC

```
<210> 5
<211> 3096
<212> ADN
<213> Enterococcus faecalis
```

<400> 5
GACCCTATCAATTGGTTTAGATGAGGGACTTCGTGAAATGTTGAAGACATTTACCAATT
GATGATTCCAAGGAAACTTATCCTTAGAATTGTTGACTATGAATTAAAAGAACCAAAGTACA
CAGTAGAAGAACGCCGCGCACATGATGCCAATCTGCCATTACATGTAACATTACGTTT
AACCAACCGTGAACAGGTGAAATTAAATCCCAAGAAGTCTCTCGCGATTCCATTAAATG
ACAGAAATGGGTACCTTCATCATCAACGGGGCAGAACGTGTTATCGTTCCAAATTAGTTGTT
CTCCAGGTGTTACTTCCATGGAAAAGTGGACAAAAACGGCAAAGAAGGTTTGGCTAACAGT
CATTCTAACCGTGGTGCATGGTTAGAAATGGAAACAGATGCGAAAGACATTCTTATGTCGG
ATTGACCGCACACGTAAAATTCTTAACTGTGTTAGTCGTGCTTAGGTTCGGTTCAGATG
ATACCATCTCGAAATTTCGGCGACAGCGAAAGCTTACGCAACACAATTGAAAAAGATTACA
CAAAACGCAAGTGATTCTCGTACAGAAGAAGGCTTGAAAGACATTATGAAACGTCTCGCCCA
GGCGAACCAAAACAGCAGATAGCTCACGTAGCTTAACTGCACGTTCTTGATCCAAA
CGTTATGATTGGCAACGTTGGTCGCTACAAAGTTAACAAAAAATTAGACTTAAACACGTC
TATTAAACTTAACCTAGCTGAAACGCTAGTTGATCCAGAAAACGGTGTAAATCATTGTCGAAA

gggataaagat	ggccggtcgt	cacggtaaca	aagggttgt	ctcccttata	atgccggaag	3000
aagatatgcc	attcttacca	gatggtaccc	cagttgat	catgttgaac	ccattagggg	3060
ttccatcccg	tatgaacatc	ggcaagtc	taggttaca	cttgggatg	gctgctcg	3120
aaatgggcat	caagattgca	acacctgtct	ttgacggtgc	tagtgaagaa	gatgtctgg	3180
aaacagttaa	ggaagccg	ttagaagctg	acgctaagac	tatcttata	gatggtcgaa	3240
ccggtaacc	atttgaccgt	aaagtctctg	ttggggttat	gtacatgatt	aagttggccc	3300
acatggtcg	tgacaagttg	cacgcccgtt	caacaggtcc	atactctctg	gttacccaac	3360
aaccattggg	tggtaaaagct	caatttggtg	ggcaacgtt	cgggagatg	gaggttggg	3420
cccta						3425
<210>	4					
<211>	3198					
<212>	DNA					
<213>	Streptococcus mutans					
<220>						
<221>	misc_feature					
<222>	(619)..(3193)					
<223>	n représente a, t, c, g ou i					
<400>	4					
ggaccctttt	atgacttctt	ggatacagg	ctgaaggaag	tttttgaaga	tgtgttcca	60
atttccaaat	tcacagacac	tatggatta	gagttgtgg	gttatgagg	gaaagagcct	120
aagtatacat	tggagaaggc	acgtgctcat	gatgcacatt	attctgc	cacatcttgg	180
actttccgtc	tcatcaataa	aaaactgg	gaaat	aaaaaaga	cacaagaagt	240
gattttccct	tgatgactga	aatgggtact	tttattat	atgggtgc	acgtattatc	300
gtttctcagt	tggtacgtt	accagggtt	tat	ttat	atgggttgg	360
aaaattggct	atggttcaac	tgttata	accgcgg	cttggctt	gcttggaaacg	420
gactctaagg	atattgctt	tactcg	tatt	gttac	gacg	480
ctgggtcgt	cactcg	ttccggg	gatgagat	ttgatattt	ttgtgatagc	540
gaattgggtc	gtaataccat	tggaaaagat	atccat	atcctaa	atgttgc	600
gatgaagctc	tcaaggaant	tatgaa	tcgttccgg	tgaac	cttgc	660
cncacgcag	tcttctgatt	gac	tttgc	cg	tttac	720
tggccgctat	agataataag	aagttaa	tc	aaaac	ggg	780
ctgaaaanna	gtagatctga	aacaggc	tttgc	tttgc	tttgc	840
acgcagtgt	attgattc	ttgc	tttgc	tttgc	tttgc	900
tacgccaat	gaatacgt	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	960
ggctccaaat	gatccagacc	gcacgg	tttgc	tttgc	tttgc	1020
aagtagtca	cttgcaccca	gac	tttgc	tttgc	tttgc	1080
ggctgagggt	ntagttaa	agtttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1140
tgttggtgaa	ttgcttgc	atcaattt	tatt	tttgc	tttgc	1200
tcgtgaacgc	atgtccgtt	aagataat	gat	tttgc	tttgc	1260
tcgcccgt	acagcgc	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1320
ggaccaacac	aatccactgt	ctgaa	tttgc	tttgc	tttgc	1380
tggtggtt	acacgcg	gtgct	tttgc	tttgc	tttgc	1440
tggcgtat	tgtccaa	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1500
gttccctat	ggtc	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1560
ccgtgagaca	ggtaa	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1620
attcactgt	gctcagg	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1680
cgtcatggg	cgt	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1740
ggatgttct	ccta	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1800
tgttgc	aacc	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1860
tgttgc	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1920
agccgtt	atcg	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	1980
agtcgcccgt	gaagat	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	2040
ctctggaaact	caact	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	2100
ggactttatt	gcagat	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	2160
agtggttgc	tacat	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	2220
tggtgataca	aaggat	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	2280
tgccctgaaa	gac	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	2340
		tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	2400

AAGGCACAGTTAACACACTACATGGAAACATTAAGGRATACATTGACAAACGGCTTAA
 ACAGCGTAACTTACTATCCAAGTGAAGATGCGGTAGTAACGTGAACCAATGACGATCCAAGTGAT
 TCAAGTTCTTCACCAAAAGATCCTGAACGTATCGTAAATGTGATGGTAACGGCTATCCAGAC
 GACAGCGTAAAAACAGTTCGTCCAGCAGATATCGTTCAATGAGCTACTCTTCAACTAA
 TGGAAAGATATCGGTAAATGTCGATGACATCGACCACCTAGGTAATCGTCGTATCCGTTAGTAGG
 CGAATTATTACAAAACCAATTCCGTATTGGTTAGCCGTATGGAACGTGTGGTTCGTCAAAGA
 ATGTCATTCAAGACACAGAAACATTGACACCAACAATTAAATTACATCCGTCCAGGGTAG
 CAAGTATCAAAGAATTCTTGGTTCTTCACAGTTATCACAGTTATGACAGAAACAAACCCATT
 AGGTGAGTTAACCCATAAACGTCGCTATCAGCCTTAGGGCCTGGTGGTTGACTCGTGTACGT
 GCCGGTTATGAAAGTTCGTGCAGTTCACTACTCTCACTATGGTCGTATGTGTCCAATTGAAACGC
 CTGAGGGACCAAATATCGGGTGTCAATAGCTTATCTAGTTATGCGAAAGTGAATAAATTGG
 TTTCATCGAAACGCCTTATCGCCGTGTTGATCGTGCACAGGCCGTGTTACTGATCAAGTAGAT
 TACTTAACAGCAGACATCGAAGACCAATTATCGTAGCGCAAGCGAACTCACTTTAAATGAAG
 ATGGCACATTGCAATGATGTTGTTATGGCGCGTCTACAAAGTGAAAACCTAGAAGTTGCCGT
 AGACAAAGTTGACTACATGGACGTTTCACCAAAACAAGTAGTCGCAGTCGCAACAGCATGTATT
 CCTTTCTTAGAAACGATGACTCCAACCGTGCCTGATGGGTGCCAACATGCAGCGTCAAGCGG
 TGCCGTTAATTCAACCAACCGCTCTCCGTGGTAGGTACAGGTATGGAATATAATCAGCCCATGA
 CTCAGGTGCTGCTTACTATGTAACATGACGGTGTGCTAGAATTGTCGATGCAAAAGAAATT
 CGCGTTCGTCGCGACAATGGCGCATTAGACAAATATGGTTACAAAATTCCGTGTTCTAACT
 CAGGAACAAGCTACAACCAACGCCAAATTGTCACCTAGGTGAAAAGTGTGAAAAGGCATACCT
 TACCGGATGGACCTCTATGGAAGAAGCGAAATGGCTTATGGCAAAACGCTTCTAGTTGCCCTC
 ATGACATGGGAAGGTTACAACCTACGAGGATGCCATTATCATGAGCCGTGTTAGTTAAAGACG
 ATGTCACACTCTGTCATATTGAAAGATAATGAATCAGAACGACGTGATACAAAATTAGGACC
 TGAAGAAATTACCGTGAACATTCCAAACGTTGGGAAGACGCGTGTGAAAGACTTAGACGAAATG
 GGGATTATCCGCAATTGGTGCTGAAGTTCAAGATGGCGACTTACTAGTTGGGAAAGTCACACCTA
 AAGGGGTCAACAGAAATTATCGCAGAAGAACGTTTATTACACGCAATCTCGGGAAAAGCCCG
 CGAAGTTCGTGAACGCTCTCCGTGACCTCACGGTGGCGCGTATCGTCATGATGTGAAA
 ATCTTTACTCGTGAAGCTGGCGATGAATTATCACCGAGGTGTCAACATGTTAGTTCGTGTCTATA
 TCGTTCCCGTATTATGCCGGAAGAAGATATGCCATTCTACCGTACGGAAACACCTGTTGATATC
 ATGTTGAACCAATTAGGGTACCTCTCGTATGAATATCGGACAAGTACTTGAATTACACTAG
 GTATGGCTCGCCAATTAGGTATTACGTCGCAACACCTGTTTCGATGGGCAACCGATGA
 AGACGTTGGGAAACTGTCGTGAAGCTGGTATGGCTAGCGATGCTAAAACAGTTCTTACGAT
 GGACGTACAGGTGAACCAATTGATAACCGTATTCCGTGGTGTATGATATGATTAAATTAG
 CCCACATGGTTGATGACAAATTGCAATGCTCGTCAATCGGACCTACTCTTGTACGCAACA
 ACCGTTGGGTGAAAGCTCAATT

<210> 6

<211> 20

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence : amorce

<400> 6

AARYTNGGMCTGAAGAAAT

<210> 7

<211> 23

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence : amorce

tgtatattctta	gttggtaaaag	tgactcctaa	aggagaaaaaa	gatctttctg	cagaagaacg	2460
cctcttgcatt	gcatttttg	gtgacaaatc	acgtgaagtt	cgtgataactt	ctcttcgtgt	2520
acctcatggt	ggcgacgggt	ttgtttgtga	tgtgaaaatc	tttacacgtg	ctaattggaga	2580
tgaacttcaa	tcaggtgtta	acatgctgg	tcgtgtttat	atcgctcaaa	aacgtaaaat	2640
caaggtcgga	gataagatgg	ccggacgtca	ttgttaacaag	ggtgtcggtt	cccgatattgt	2700
accagtggaa	gatatgccat	atcttccaga	ttggAACACCT	tttgatatac	tgcttaatcc	2760
acttgggggt	ccatcacgga	tgaacattgg	gcaagttatg	gaactccatc	ttggtatggc	2820
tgctcgtaat	ttgggcattc	atattgcaac	gcctgtctt	gacggagcaa	cttctgtatga	2880
tctttggaa	acagtaaaag	aagccgtat	ggattctgat	gctaaaactg	ttctttatga	2940
tggtcgcaca	ggggagccgt	ttgataatcg	tgtatcagtt	ggtgttatgt	atatgattaa	3000
acttcaccac	atgggttgcgt	ayaaccattt	tgtctatgca	magwtcagtt	ggcccttakt	3060
caaygawtam	tcagasgart	tcctgctwgg	tgtaaaggct	ncaattgtct	tttagaggtta	3120
aggctgtgt	aataacggta	tgctggatt	gatggcaatg	ggcaagtgaa	tantcaacac	3180
cggccgtcta	cancgtgc					3198

<210> 5
<211> 3096
<212> DNA
<213> E. coli

gacccttatac aattgggttt tagatgaggg acttcgtgaa atgtttgaag acattttacc	60
aattgtatgt ttccaaggaa acttatacctt agaatttttt gactatgaat taaaagaacc 120	
aaagtacaca gtagaagaag cccgcgcaca tgatgccaac tattctgcgc cattacatgt 180	
aacattacgt ttaaccaccgt gtgaaacagg taaaattaaa tcccaagaag tcttcttcgg 240	
cgattttcca ttaatgacag aaatgggtac cttcatcatc aacggggcag aacgtgttat 300	
cgtttccaa ttagttcggt ctccaggtgt ttacttccat gaaaaagttgg aaaaaacacgg 360	
caaagaaggt ttggctcaa cagtcattcc taaccgttgt gcatgttag aatggaaac 420	
agatgcgaaa gacatttctt atgttcgat tgaccgcaca cgtaaaattc ctttaactgt 480	
gttagttcggt gcttttaggtt tcgggtcaga tgataccatc ttcgaaattt tcggcgacag 540	
cgaaagctt cgcacacaaa ttgaaaaaga tttacacaaa aacgcaagtg attctcgatc 600	
agaagaaggc ttgaaagaca ttatgaaacg ttttcgccc ggcgaaacca aaacagcaga 660	
tagctcacgt agttgttaa ctgacgtt ttttgatcc aaaaacgtt gatggcaaa 720	
acgttggctcg ctacaaagtt aacaaaaat tagacttaa aacacgtcta taaaactaa 780	
ccttagctga aacgctagtt gatccagaaa ctgggtgaaa tcattgtcga aaaaggcaca 840	
gttttaacac attacatcat gggaaacatta aggcrataca ttgacaaacg gcttaaacag 900	
cgttaacttac tatccaagtg aagatgcggg agtaactgaa ccaatgacga tccaagtgat 960	
tcaagttttt tcacccaaaag atcctgaacg tattcgtaat gtgattggta acggctatcc 1020	
agacgacacg gtaaaaaacag ttgcgtccagc agatatcggtt gcttaatgatcactt 1080	
caacttaatg gaagatatcg gtaatgtcga tgacatcgac cacttaggtt atcgtcgat 1140	
ccgttcagta ggcgaatttat tacaaaacca attccgtatt gtttagccc gtatggacg 1200	
tgtggttcggt gaaagaatgt ctattcaaga cacagaaaaca ttgacaccac aacaattaat 1260	
taacatccgtt ccagtggtag caagtatcaa agaattttttt gtttcttcac agttatcaca 1320	
gttcatggac caaacaaacc cattaggtga gttaaaccat aaacgtcgatc tattcgtt 1380	
agggccttggt ggtttagtgc gttatgtcgc cggttatgaa gttcgtgacg ttcactactc 1440	
tcactatggt cgtatgtgtc caattggaaac gcctgagggc caaaatatcg gttgatcaa 1500	
tagcttatct agttatgcga aagtgaataa atttggtttc atcggaaacgc cttatcgccg 1560	
tgtttagtgcgt ggcacaggcc gtttactga tcaagtagat tacttaacag cagacatcgat 1620	
agaccattat atcgttagcgca aagcgaactc acttttaat gaagatggca catttgccaa 1680	
tgtatgttggt atggcgcgtc tacaaaagtga aaacttagaa gttccgtag acaaagttga 1740	
ctacatggac gtttccacaa aacaagtagt cgcagtcgc acagcatgta ttcccttctt 1800	
agaaaaacgtt gactccaacc gttccgtat gggtgccaaac atgcagcgatc aagcggtgcc 1860	
gttattcaatccac gtcgttgcgtc cgtgggtagg tacaggatgat gaatataat cagcccatgat 1920	
ctcagggtgtt gtttactat gtaaaacatga cgggtgtcgta gaattcgatcg atgcaaaaga 1980	
aattcgcgtt cgtcgcgaca atggcgcatt agacaaatat atggttacaa aattccgtcg 2040	
ttcttaactca ggaacaagct acaaccaacg cccaaattgtt cacttaggtg aaaagttgaa 2100	
aaggcgtatc ttaccggat ggacccctcta tggaaagaagc gaaatggctt tatggcaaaa 2160	
cgtcttagtt gccttcatga catgggaagg ttacaactac gaggatgcca ttatcatgag 2220	
ccgtcgttta gttaaagacg atgtctacac ttctgtgcattt gatggaaat atgaatcaga 2280	
agcacgtgat aaaaaatttag gacctgaaga aattaccctg gaaatccaa acgttggggaa 2340	
agacgcgttg aaagacttag acgaaatggg gattatccgc attgggtctg aagttcaaga 2400	

<400> 7
TGIARTTTRTCATCAACCATGTG

<210> 8
<211> 709
<212> ADN
<213> *Streptococcus suis*

<400> .8
CGGAAATTCAAACGTGGTGAAGATGCCCTCGCAACTGGACGAAATGGGATTATCCGTA
TTGGTGCAGTAAAGAGGGGACATTCTTGTGGTAAAGTCACACCAAAAGGTAAAAAGA
TCTTCTGCTGAAGAGCGTCTCTGCACGCAATCTTGGTACAAGTCACGTGAAGTAAGTGAT
ACCTCTTCTGTAACCTCACGGTGCCTACGGTGTGCGTTGTGATGTGAAAATCTTACTCGTG
CCAACGGTGAATTGCAATCAGGTGTTAACATGTTGGTCTGTTACATCGCTAAAAACG
TAAGATCAAGGTCGGAGATAAGATGGCCGGTGTACGGTAACAAGGGTGTGTTACGTATT
GTACCTGTTGAGGATATGCCATATCTTCCAGATGGAACACCAGTTGACATCATGTTGAACCCAC
TCGGGGTGCATCACGTATGAAACATCGGTCAAGGTTATGGAACCTTCACTTGGGTATGGCGGCTCG
CAACTTGGGCATCCATATGCAACACCAGTTTCGATGGTCAAGTTCAGAAGACCTCTGGTCA
ACTGTTAAAGAAGCAGGTATGGACTCAGATGCCAAGACCATTCTTACGATGGACGTACAGGTG
AACCATTTGACAACCGTGTATCTGTTGGTGTATGTACATGATCAAGCTTACCCACATGGTTGA
TGACA

<210> 9
<211> 725
<212> ADN
<213> *Streptococcus sanguinis*

<400> 9
TGTCAACCATGTGGTGAAGCTTAATCATGTACATGACACCGACAGATAACGGTTGTCAAAC
GGCTCACCGGTACGTCCATCGTAAAGAATAGTCTTGGCATCGCTATCCATACCGCTTCACGGA
CAGTATCCCAGAGGTCTCTGAGCTTGTCTCATCAAAGACCGGTGTCGCAATATGGATGCCAA
GTTACGTGCTGCCATACCAAGGTGAAGCTCCATAACCTGACCAATGTTACATACGTGATGGTACC
CCGAGTGGGTTCAGCATGATATCAACTGGTGTCCGTGCAAATAAGGCATGTCTCCACAG
GAACGATAACGGGATAACACCCCTTGTGTTCCGTGACGACCGCCATCTTATCTCCGACCTTGAT
CTTACGTTTTGAGCGATGTAGACACGAACCATATTAACGCCAGATTGCAACTCATCACCA
TTAGCACGGTAAAGATCTTCACGTACGAACCACTCCATCAGCACCGTGGGCACACGAG
AGGTATCAGGACTTCACGAGACTTGTCTCGAAGATAGCGTGCAGAGGGCCTTTCAGCAGA
AAGATCTTTTCAACCTTAGGGTAACTTACCTACAAGGATATCGCCTTCTTGACTTCCGCC
CCGATGCGGATAATACCCATTCTGCTCAAATTGCGTAGGGCATCTCCCCTACGTTGGAAATT
CGCGGTAATTCTTCAGGTCA

<210> 10
<211> 728
<212> ADN
<213> *Streptococcus salivarius*

<400> 10
TTGTCATCAACCATGTGTGAAGTTGATCATGTACATGACACCAACTGATACACGGTTATCAA
TGGTTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTCTTAGCATCACTATCCATACCTGCTTCACGA
ACAGTATCCCAGAGGTCTCTGAGCTTGGCCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGGATACCCA
AGTTACGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGTCCATAACCTGACCGATGTTACATACGTGATGGCAC
CCCAAGAGGGTTCAACATGATATCAACTGGTGTACCGTCTGGAAGGTAAGGCATGTCTCAACA

tggcgactta	ctagttggga	aagtcacacc	taaaggggtc	acagaattat	ctgcagaaga	2460
acgtttatta	cacgcaatct	tcggggaaaa	agcccgcgaa	gttcgtgata	cgtctctccg	2520
tgtacctcac	ggtggccggcg	gtatcggtca	tgatgtgaaa	atctttactc	gtgaagctgg	2580
cgatgaatta	tcaccaggtg	tcaacatgtt	agttcggtgc	tatatcggtc	aaaaacgtaa	2640
aattcacgaa	ggagataaaa	tggcgggacg	tcacgaaat	aaaggggttg	tttcccgat	2700
tatgcccggaa	gaagatatgc	cattcttacc	tgacgaaaca	cctgttgcata	tcatgttgaa	2760
ccatttaggg	gtaccttc	gtatgaatat	cggacaagta	cttgaattac	acttaggtat	2820
ggctgctcgc	caattaggt	ttcacgtcgc	aacacctgtt	ttcgatgggg	caaccgatga	2880
agacgtttgg	gaaactgttc	gtgaagctgg	tatggctagc	gatgctaaaa	cagttcttta	2940
cgatggacgt	acaggtgaac	cattgtataa	ccgtatttcc	gttgggtgtca	tgtatatgtat	3000
taaatttagcc	cacatgttg	atgacaaaatt	gcatgtcgt	taatcggtac	cttactctct	3060
tgttacgcaa	caaccgttgg	gtgtaaagct	caattc			3096

<210> 6
<211> 20
<212> DNA
<213> amorce

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> n représente a, t, c ou g ou i

<400> 6
aarytnnggmc ctgaagaaat

20

<210> 7
<211> 23
<212> DNA
<213> amorce

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> n représente i

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> n représente a, t, c ou g ou i

<400> 7
tgnartttrt catcaaccat gtg

23

<210> 8
<211> 709
<212> DNA
<213> Streptococcus suis

cgcgaaattc	caaacgttgg	tgaagatgcc	cttcgcaact	tggacgaaat	ggggattatc	60
cgtattggtg	ccgaagttaa	agagggcgac	attcttggtg	gtaaagtcac	acccaaaaggt	120
aaaaaaagatc	tttctgtcga	agagcgtctc	ttgcacgcaa	tcttcgggtga	caagtcacgt	180
gaagtacgtg	atacctctct	tcgtgtacct	cacggtgccg	atgggtgtcg	tcgtgtatgt	240
aaaatctta	ctcggtccaa	cgggtatgaa	ttgcaatcag	gtgttaacat	gttgggttcgt	240
gtttacatcg	ctcaaaaaacg	taagatcaag	gtcggagata	agatggccgg	tgcgtcacgg	300
aacaagggtg	tcgtttcacg	tattgtacct	gttggagata	tgcgttatct	tccagatgg	360
acaccagttg	acatcatgtt	gaacccactc	gggggtccat	cacgtatgaa	catcggtcag	420
gttatggaaac	ttcacttggg	tatggccgct	cgcaacttgg	gcatccatat	cgcaacacca	480
gttttcgatg	gtgcaagttc	agaagacctc	tggtcaactg	ttaaagaagc	aggtatggac	540
tcagatgcca	agaccattct	ttacgatgga	cgtacaggtg	aaccatggta	caaccgtgt	600
						660

GGAAACAATACGAGAAACAACCCCTTGTACCGTGACGACCGGCCATCTTATCTCCGACCTTAA
 TCTTACGTTTGAGCGATGTAACACGAAACAAGCATGTTAACACCTGATTGCAATTCACTCACC
 GTTTGCACGTGTGAAGATTAAACATCACGAACGACACCACCAACCGTGAGGTACACGGAGT
 GAGGTATCACGTACTTCACGAGATTATCACCAAAGATAGCATGGAGAAGACGTTCTCAGCAG
 AAAGGTCTTTTCACCCCTAGGTGTTACCTTAACAAAGAAATGTCACCTTCTTAACCTCAGC
 ACCGATAACGGATAATACCCATTCTGTCAAGGTCTTGAGAGCTTCTCACCAACGTTGGCAAT
 TCACGTGTAATTCTTCAGGTCCA

<210> 11
 <211> 725
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus pyogenes*

<400> 11
 TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTGATCATATACATGACACCAACGGATAACGGTTGTCAAA
 TGGTTCACCGGGTGCACCATCATAAAGGACCGTCTAGCATCGCTATCCATACCAGCTCACGA
 ACAGTGTCCCAAAGGTCTTCTGATGAAGCCCCGTCAAAGACAGGTGTTGCAATGTCAATACCAA
 GATTACGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGGTTCCATAACCTGACCAATATTCACTCGTATGGCAC
 CCCAAGAGGGTCAACATGATGTCAACTGGTGTCCGTCTGGAAGGTATGGCATGTCTCAACT
 GGTACAATACGTGAAACGGACACCCCTGTTCCGTGACGACCGGCCATTATCTCCGACCTTGA
 TTTTACGTTTGAGCGATGTAACACGCACAAGCATATTAAACACCTGATTGCAATTCACTGCC
 GTTAGCGCGTGTAAAGATTTCACATCACGAACGATACCATCACCCACCGTGAGGGACACGAAGT
 GAGGTATCAGCACTTCACGCGATTATCCCCAAAGATGGCGTGAAGTAAACGTTCTCAGCAG
 AAAGGTCTTTACACCTTAGGTGACTTACCTACTAAGATGTCGCCCTTTAACCTCAGC
 ACCGATAACGGATAATGCCATTCTGTCAAGGTCTTGAGGGCTTCTCACCAACATTGGGATT
 TCCGAGTGATTCTTCAGGGCA

<210> 12
 <211> 724
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus pneumoniae*

<400> 12
 CAACCATGTGGTGGAGTTGATCATGTACATGA \tilde{C} TCGACAGAAAACACGGTTATCAAACGGTT
 CACCAAGTACGTCCATCGTAAAGGATCGTTTGGCATCGCTATCCATACCTGCTTCTTAACAGT
 TGACCAAAGATCTTCAGAACTTGTCTCCATCAAAGACTGGTGTGCGATGTGAATACCAAGAGTA
 CGAGCTGCCATACCAAGGTGAAGCTCCATAACCTGACCGATATTCACTACGTGATGGTACCCAA
 GTGGGTTCAACATGATGTCGACTGGAGTTCCGTCTGGAAGGTAAAGCATGTCTTCTACAGGAAC
 GATACGAGAGACAACCCCTTGTTCGGTGAACGTCCGGCCATTATCTCCGACCTTAATCTTA
 CGTTTGAGCGATGTAACACGAACCAACATGTTAACACCTGATTGCAACTCATCTCCATTAA
 CACGTGAAAGATCTTAACATCACGAACGACACCCATCGGCACCGTGTGGTACACGAAGAGAAGT
 ATCACGCACTTCACGAGACTTGTCTCCAAAGATAGCGTGAAGAGACGTTCTCAGCTGAAAGA
 TCTTCTCACCCCTAGGTGTTACCTACAAAGAAATACACCTTCTTAACCTCAGCACC
 TACGGATAATCCCATTCTGTCAAGGTCTTGAGGGCATCTCACCAACGTTTGGAAATTGCGC
 AGTGATTCTTCAGGTCCAA

<210> 13
 <211> 740
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus oralis*

tctgttggtg tcatgtacat gatcaagctt caccacatgg ttgatgaca

709

<210> 9

<211> 725

<212> DNA

<213> *Streptococcus sanguinis*

<400> 9

tgtcatcaac	catgtggta	gcttaatcat	gtacatgaca	ccgacagata	cacgggttgc	60
aaacggctca	ccggtaacgtc	catcgtaaag	aatagtctt	gcatcgctat	ccataccagc	120
ttcacggaca	gtatcccaga	ggtcttctga	gcttgctcca	tcaaagaccg	gtgtcgcaat	180
atggatgccc	aagttacgtg	ctgccataacc	aaggtaagc	tccataacct	gaccaatgtt	240
catacgtat	ggtaccccg	gtgggttcag	catgatatca	actgggttc	cgtctggcaa	300
ataaggatcg	tcttcacag	gaacgataacg	ggatacaacc	cccttggttc	cgtgacgacc	360
agccatctta	tctccgaccc	tgatcttacg	ttttttagcg	atgtagacac	gaaccaacat	420
attaacgcca	gattgaaact	catcaccatt	agcacggta	aagatcttca	cgtcacgaac	480
cactccatca	gcacccgtcg	gcacacgcag	agaggatata	cggaacttca	gagacttgc	540
tccgaagata	gcgtgcaaga	ggcgcttcc	agcagaaaga	tctttttcac	ccttaggggt	600
aactttaccc	acaaggatat	cgccttcc	gactttcc	ccgatgcgga	taataacccat	660
ttcgtccaaa	ttgcgttaggg	catcttcccc	tacgtttgga	atttcgcggg	taattcttca	720
ggtca						725

<210> 10

<211> 728

<212> DNA

<213> *Streptococcus salivarius*

<400> 10

ttgtcatcaa	ccatgtgt	agtttgcata	tgtacatgac	accaactgat	acacggttat	60
caaatggttc	acctgtacgt	ccatcgtaaa	ggatttgc	agcatacta	tccataccctg	120
cttcacgaac	agtatcccag	aggtcttctg	agcttgc	gtcaaagact	ggtgggtgc	180
tgtggatacc	caagttacga	gcagccatac	caaggtaag	ttccataacc	tgaccgatgt	240
tcatacgtat	tgccacccca	agagggttca	acatgatata	aactgggt	ccgtctggaa	300
ggtaaggcat	gtcttcaaca	ggaacaatac	gagaaacaac	cccttgc	ccgtgacgac	360
cggccatctt	atctccgacc	ttaatcttac	tttttgagc	gatgtaaaca	cgaacaagca	420
tgttaacacc	tgattgcaat	tcatcaccgt	ttgcacgtgt	gaagatttt	acatcacgaa	480
cgacaccatc	accaccgt	ggtacacgg	gtgaggat	tacgtacttca	cgagatttat	540
caccaaaat	agcatggaga	agacgttctt	cagcagaaag	gtcttttca	cccttaggtg	600
ttacccatcc	aacaagaat	tccacccctt	taacccatc	accgatacgg	ataatacccat	660
tttcgtcaag	gtcttgc	gatgtttcac	caacgttgg	caattcacgt	gtaatttctt	720
caggatcca						728

<210> 11

<211> 725

<212> DNA

<213> *Streptococcus pyogenes*

<400> 11

tgtcatcaac	catgtggta	agtttgcata	tatacatgac	accaacggat	acacgggtgt	60
caaatggttc	accgggtgc	ccatcataaa	ggaccgtt	gcatacgct	tccataccag	120
cttcacgaac	agtgtccaa	agtcttctg	atgaagcccc	gtcaaaagaca	ggtgggtgc	180
tgtgaatacc	aagattacga	gcagccatac	caaggtaag	ttccataacc	tgaccaat	240
tcatccgtat	tgccacccca	agagggttca	acatgatgtc	aactgggt	ccgtctggaa	300
ggtatggcat	gtcttcaact	ggtacaatac	gtgaaaacgac	acccttgc	ccgtgacgac	360
cggccatctt	atctccgacc	ttgatgttac	tttttgagc	gatgtaaaca	cgcacaagca	420
tattaacacc	tgattgcaat	tcatcgccgt	tagcgcgtgt	aaagatttt	acatcacgaa	480
cgataaccatc	accaccgt	ggtacacgg	gtgaggat	tacgtacttca	cgcgatttat	540
ccccaaat	ggcgtgaat	aaacgttctt	cagcagaaag	gtcttttca	cccttaggtg	600
tgactttacc	tactaagat	tccacccctt	taacccatc	accgatacgg	ataatacccat	660
tttcgtcaag	gtcttgc	gatgtttcac	caacgttgg	gatgtttcc	tgatttcttca	720
ggcga						725

<400> 13

CAACCATGTGGTGGAGTTGATCATGTACATGACAACCAACTGATAACACGGTTGTCAAAACGA
 CTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTTGGCATCGCTATCCATACCTGCTTCTTTAAC
 GTGTCCTAAAGGTCTCCGAACCTGCTCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGGGATACCAAGAG
 TACGGGCTGCCATACCAAGGTGGAGTTCCATAACCTGACCGATATTACATACGTATGGCACCC
 AAGTGGGTTCAACATGATATCGACTGGAGTTCCATCTGGAAGGTAAAGGCATGTCTTACAGGA
 ACGATACGAGAGACAACCCCTTGTGTTCCGTGACGTCCGGCCATCTTATCTCGACCTGATCT
 TACGTTTGAGCGATGTAGACACGAACCGACATATTACACCCAGATTGCAACTCATCACCAATT
 TGCACGTGAAAGATCTAACATCACGAACGACACCATCGGCACCGTGAGGTACTCGAAGAGAA
 GTATCACGCACCTCACGAGACTTGTCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGACGTTCTCAGCAGAAA
 GGTCTTTTCAACCTTAGGTGTGACTTACCTACAAGGATATCTCCTTCTTAACCTCAGCACC
 AATACGGATAATACCCATTTCGTCAAGGTCTTAAGGGCATCTTCATCAACGTTTNGNATT
 CACGATTATTTCCTCAGGGCCAACCTTTTGGGTGT

<210> 14

<211> 728

<212> ADN

<213> *Streptococcus mutans*

<400> 14

TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTAATCATATACATAACACCAACTGATAACACGATTATCAA
 CGGCTCCCTGTGCGACCATCATAAGAACAGTTAGCATCAGAAATCCATACCGGCTTCTTT
 ACTGTTCCCAAAGATCATCAGAAAGTTGCTCCGTCAAAGACAGGGTGTGCAATATGAATGCCA
 AATTACGAGCAGCCATACCAAGATGGAGTTCCATAACTGCCAATGTTATCCGTGATGGCAC
 CCCAAGTGGATTAAGCATGATATCAACAGGTGTTCCATCTGGAAGATATGGCATATCTCCACT
 GGTACAATACGGAAACGACACCCCTGTTACCATGACGTCCGGCCATCTTATCTCGACCTTGA
 TTTACGTTTTGAGCGATATAAACACGAACCGACATGTTAACACCTGATTGAAGTTCATCTCC
 ATTACGACGTGTAAGGATTTCACATCACAAACAACACCCTCGCCACCATGAGGTACACGAAGA
 GAAGTATCAGGAACCTCACGTGATTGTCACCAAAATGGCATGCAAGAGGGTCTTCTGCAG
 AAAGATCTTTCTCCTTACGAGTCACTTACCAACTAGAATATCACCTCTTAACCTCAGC
 ACCAATGCGATAATTCCATTTCATCAAGGTCTTCAGGCATCTCACCAACATTGGGATT
 TCACGCGTAATTCTTCAGGTCCA

<210> 15

<211> 730

<212> ADN

<213> *Streptococcus mitis*

<400> 15

TGTCATCAACCATGTGGTGGAGTTGATCATGTAACATGACTCCGACAGAAAACACGGTTATCA
 AATGGTTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTTGGCATCGCTATCCATACCGCTTCTT
 TAACAGTTGACCAAAGATCTCAGAACTTGCTCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGAATACC
 AAGAGTACGAGCTGCCATCCAAAGGTGGAGTTCCATAACCTGACCGATATTACATACGTATGGC
 ACCCCAAGTGGTTCAACATGATATCGACTGGAGTTCCATCTGGAAGGTAAAGGCATATCTTCTA
 CAGGAACGATACGAGAGACAACCCCTTATTCGACGTCCGGCCATCTTATCTCGACCTT
 GATCTTACGTTTGAGCGATGTAGACGCGAACAGCATGTTGACACCTGATTGCAATTCATCT
 CCATTGACGTGTAAGGATCTAACATCACGAACACACCATCAGCTCCGTGGTACACGAA
 GAGAAGTGTACGTACTTCACGAGATTATCTCGAAGAGATAGCGTGCAAGAGCCGTTCTCAGC
 TGAAAGGTCTTCTCACCCCTTAGGTGTTACCTACAAAGGATATCCCCCTTCTTAACCTCA
 GCACCGATAACGGATAATACCCATTTCGTCAAGATCTTAAGGGCATCTTCCCCAACGTTGGGA
 TTTCACGAGTAATTCTTCAGGTCCA

<210> 12
 <211> 724
 <212> DNA
 <213> *Streptococcus pneumoniae*

<400> 12
 caaccatgtg gtggagttt atcatgtaca tgactccgac agaaaacacg gttatcaa 60
 ggttccaccag tacgtccatc gtaaaaggatc gtttggat cgctatccat acctgcttct 120
 ttaacagttt accaaagatc ttcaactt gtcacatcaa agactgggt cgcgatgtga 180
 ataccaagag tacgagctgc cataccaagg tgaagctcca taacctgacc gatattcata 240
 cgtgatggta ccccaagtgg gttcaacatg atgtcgactg gagttccgatc tggaaggtaa 300
 ggcatgtctt ctacaggaac gatacgagag acaacccctt tggttccgtg acgtccggcc 360
 attttatctc cgaccatataat ttacgtttt tgagcgatgt aaacacgaac caacatgtta 420
 acacctgatt gcaactcatc tccatattaca cgtgtaaaga tcttaacatc acgaacgaca 480
 ccatcgccac cgtgtggatc acgaagagaaa gtatcacgca ttccacgaga ttgtctcca 540
 aagatagcgt gcaagagacg ttcttcagct gaaagatctt tctcaccctt aggtgttact 600
 ttacctacaa gaatattcacc ttctttaacc tcagcaccaa tacggataat cccatttcgt 660
 caaggctttt gagggcatct tcaccaacgt ttggatattt cgcgagtgtat ttcttcaggt 720
 ccaa 724

<210> 13
 <211> 740
 <212> DNA
 <213> *Streptococcus oralis*

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (698)..(700)
 <223> n représente a, t, c, g ou i

<400> 13
 caaccatgtg gtggagttt atcatgtaca tgacaaccaa ctgataacac gtttgtcaaa 60
 acgactcacc tgcgttccatc tcttccatc ttgtttggc atcgctatcc atacctgttt 120
 cttaacatgt gtcggaaagg tcttccgatc ttgttccgtc aagactgtt gttgcgtgt 180
 ggataaccaag agtacgggtt gccatccaa ggtggagttc cataacctga ccgtatattca 240
 tacgtgtgg caccatcaatg gggttcaaca tgatatcgac tggagttcca tctgaaagg 300
 aaggcatgtc ttctacatc acgatcgatc agacaacccc ttgtttccgt tgacgtccgg 360
 ccatcttatac tccgacatcg atcttacgtt ttgttccgt gtagacacga accagcatat 420
 tcacaccaga ttgcactca tcaccatcg cacgtgtaaa gatcttacca tcacgaacga 480
 caccatcgcc accgtgaggt actcgaagag aagtatcacg cacttcacga gacttgttcc 540
 cgaagatagc gtgcacatca cgttccatc cagaaaggatc ttgttccatc tttaggtgtga 600
 ctttacatcg aaggatatct ccttccatc cctcagcacc aatacggata ataccatcc 660
 tcgtcaaggt cttaaggggc atcttcatca acgttttngn atttcacatc ttatccctc 720
 agggcaact ttgtttccgt 740

<210> 14
 <211> 728
 <212> DNA
 <213> *Streptococcus mutans*

<400> 14
 tgcgttccatc catgtggatc agtttacata tatacataac accaactgtat acacgattat 60
 caaacgggtc ccctgtgcga ccatcataaa gaacagttt agcatcgatcc tccataccgg 120
 ctttccatc tggttccatc agatcatcg aagtttgcgtc gtcaaaagaca ggcgttgc 180
 tatgaatgcc caaattacga gcagccatc acatcgatcc tggccatccatgt 240
 tcacccgtga tggccatccatc agtggatccatc gcatcgatcc acatcgatcc tggccatccatgt 300
 gatatggatc atcttccatc ggtacaatccatc gggaaacgc acccttgcgtt ccgttccatc 360
 cggccatctt atcttccatc ttgtttccatc gtttttgcgtt gatataaaca cgaaccagca 420
 tggccatccatc tgattgaatgt tcacatcgatccatc tagcgtgtt aaagatccatc acatcgatccatgt 480
 caacaccgtc gccaccatcgatccatc ggtacaatccatc acgttccatc cgttccatc 540

<210> 16
 <211> 727
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus equinus*

<400> 16
 TGTCAACCATGTGGTAAGTTWATCATGTACATGACACCAACTGACACACGGTTATCAA
 TGGTCACCAAGTACGTCCATCGTAAAGAACTGTCTTAGCGTCGCTAGCCATACCAGCTCGTTA
 ACTGTATCCCAAAGGTCTTCAGAAGTTGCCCCATCAAAGACTGGTGTGCAATGTGAATACC
 GGTTACGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGCTCCATAACTGTCCGATGTTCATACGAGATGGCAC
 CCCAAGTGGGTTAACATGTATCGACTGGAGTTCCGTCCTGGAAGATAAGGCATGTCTCAACT
 GGAACAACACGAGAAACAACCCCTTGTACCGTGACGACCGGCCATTATCTCCGACTTGA
 TTTTACGTTTTGTGCGATATAAACACGAACGAGCATGTTAACACCTGATTGTAATTCATCACC
 GTTTCACGTGTAAGATTAACTAACGTCACGAACGACACCATCTCCACCGTGTGGTACACGAAGT
 GATGTATCACGAACCTCACGTGATTATCACCGAAGATTGCGTGAAGAAGGCCTCTTCAGCAG
 AAAGGTCTTTTCACCTTAGGTGTTACTTACCTACAAGGATGTCACCTTAACTTCAGC
 ACCGATAACGGATAATACCCATTCTGTCAAGGTCTTAAAGAGCTTCAACCAACGTTGGAATT
 TCGGAGTGATTCTTCAGGTCA

<210> 17
 <211> 731
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus constellatus*

<400> 17
 AGTTGTCATCAACCATGTGTCAATTAAATCATATACATGACACCGACAGATAACGGTTGTCA
 AACGGCTCGCCCGTACGACCATCATAAAGAATCGTCTGGCATCGCTATCCATGCCTGCTTCAC
 GAACAGTATCCCAAAGGTATCTGAGCTTGTCTCCGTCAAATACTGGCGTTGCTATGTGGATACC
 AAGGTTGCGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGCTCCATAACCTGTCCGATATTCAACGTGATGGC
 ACCCCAAAGTGGGTTCAACATGATGTTACTGGTGTTCGTCTGGAAGATAAGGCATATCCTCAA
 CTGGAACGATACGGGAAACAACCCCTTTATTCCGTGGCGTCCGGCCATCTTATCCCCAACGCG
 GATCTTCGTTTGAGCAATGTAACACCCACCAACATGTTGACACCAGATTGCAATTCA
 CCGTCGCACGAGTAAAGATTTCACATCACGGACAACCCCAGCACCACCATGTGGTACACGAA
 GAGATGTGTCACGTACTTCACGAGATTATCACCGAAAATTGCAATGAGCAGGGTTCTTCAGC
 GGATAAGTCTTTTCACCTTCTGGCTTACTTACCGACAAGAAATGTCGCCCTTTCACCTCA
 GCACCAATGCGGATAATTCCATTCTGTCAAGGTCTTAGCGCATTCCCCAACGTTGGA
 TTTCGCGCTAATTCTTCAGGTCAA

<210> 18
 <211> 730
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus anginosus*

<400> 18
 TTGTCATCAACATGTGGTGGGGTGTACATGTAACATGACACCAACGGATAACGATTATCAAAT
 GGCTCACCAAGTACGGCCATCATAAAGGATTGGTCTTAGCATCGCTATCCATGCCAGCTTCACGA
 ACGGTTCCCAAAGATCATCTGAGCTAGCCCGTCAAATACTGGTGTGCAATGTGAATGCCAA
 GGTTGCGAGCAGCCATACCGAGGTGAAGCTCCATAACTTGACCAATATTCAACGAGATGGCAC
 CCCAAGTGGGTTCAACATAATCAACTGGTGTCCATCTGGAAGATAACGGCATATCCTCAACT
 GGAACAATGCGGAAACAACCCCTTGTTCGTGACGTCCAGCCATCTTATCCCCAACACGGA
 TTTTCCGTTTTGAGCGATGTAACACGTACCAACATGTTGACACCAGATTGCAATTCA
 GTTCGCACGAGTAAAGATTTCACATCACGGACAACCCCTGCACCACCATGTGGTACACGAAGG
 GAAGTATCACGTACTTCACGAGATTATCACCGAAAATTGCAATGAGCAGGGCTCTCAGCAG
 ATAAGTCTTTTCACCTTCTGGTACTTACCGACAAGAAATGTCGCCCTCTTTACCTCAGC

.....
caccaaaaat ggcatgcaag aggcgttctt ctgcagaaag atcttttctt cctttaggag 600
tcactttacc aactagaata tcaccttctt taacccatcg accaatgcga ataattccca 660
tttcatcaag gtcttcagg gcatcttcac caacattgg gatttcacgc gtaatttctt 720
caggtcca 728

<210> 15
<211> 730
<212> DNA
<213> *Streptococcus mitis*

<400> 15
tgtcatcaac catgtgggtgg agtttgcata tgtaacatga ctccgacaga aaacacggtt 60
atcaaatgggt tcacctgtac gtccatcgta aaggattgtt ttggcatcg tatccatacc 120
agcttcttta acagttgacc aaagatcttc agaacttgct ccgtcaaaaga ctgggtgtgc 180
gatgtgaata ccaagagttac gagctgccat cccaaagggtgg agttccataa cctgaccgt 240
attcatacgt gatggcaccc caagtgggtt caacatgata tcgactggag ttccatctgg 300
aaggtaaggc atatcttcta caggaacgt acgagagaca accccttat ttccgtgacg 360
tccggccatc ttatctccga ccttgatctt acgttttga gcgtatgtaga cgcgaaccag 420
catgttgaca cctgatgtca attcatctcc atttgcacgt gttaagatct taacatcag 480
aaccacacca tcagctccgt gtggcacacg aagagaagtg tcacgtactt cacgagattt 540
atctccgaag atagcgtgca agagccgttc ttcaagctgaa aggtcttctt cacccttagg 600
tggtaacttta cctacaagga tatccccttc tttaacctca gcaccgatac ggataataacc 660
catttcgtca agatctttaa gggcatcttc cccaaacgttt gggatttcac gagaatttc 720
ttcaggtcca 730

<210> 16
<211> 727
<212> DNA
<213> *Streptococcus equinus*

<400> 16
tgtcatcaac catgtgggtga agtttwatca tgtacatgac accaactgac acacggttat 60
caaattgggtc accagttacgt ccattgtaaa gaactgtctt agcgtcgcta gcccattaccag 120
cttcgttaac tggatccaa aggttccgt aagttcccc atcaaagact ggtttgca 180
tgtgaataacc aagggtacgt gcagccatac caaggtgaag ctccataact tggatccgt 240
tcatacggaga tggcacccca agtgggttca acatgatatac gactggagtt ccgtctggaa 300
gataaggcat gtcttcaact ggaacaacac gagaacaacac ccctttgtta ccgtgacgac 360
cgcccatatcc atctccgact ttgatccatc gttttgtgc gatataaaaca cgaacgagca 420
tggtaacacc tgattgtat tcatcaccgt ttgcacgtgt aaagattttt acgtcacgaa 480
cgacaccatc tccaccgtgt ggtacacgaa gtgatgtatc acgaacttca cgtgattttat 540
caccgaagat tggatccatc aggcgttctt cagcagaaag gtcttttca cctttaggtg 600
ttactttacc tacaaggatg tcaccttctt taacttcagc accgatacgg ataataccca 660
tttcgtcaag gtctttaaga gcttcttcac caacgtttgg aatttcgcga gtgattttctt 720
caggtca 727

<210> 17
<211> 731
<212> DNA
<213> *Streptococcus constellatus*

<400> 17
agttgtcatc aaccatgtgt gcaatttaat catatacatg acacccgacag atacacggtt 60
gtccaaacggc tcgcccgtac gaccatcata aagaatcgatc ttggcatcg tatccatgcc 120
tgcttcacgt acagttatccc aaagggtcata tgagttgtc ccgtcaaaata ctggcggtgc 180
tatgtggata ccaagggtgc gagcagccat accaagggtga agtccataa cctgtccgt 240
attcatacgt gatggcaccc caagtgggtt caacatgatg tctactgggtg ttccgtctgg 300
aagataaggc atatcccaa ctggaaacgt acggaaaaca accccttat ttccgtggcg 360
tccggccatc ttatcccaa cggatctt tcgatccatc gcaatgtaaa cacgaccaaa 420
catgttgaca ccagattgca attcatcacc gttcgacgc gtaaagattt tcacatcag 480
gacaacccca gcaccaccaat gtggcacacg aagagatgtg tcacgtactt cacgagattt 540
atcaccgaaa attgcgttca gcaagggttc ttcaagccgtt aagtctttt caccttcgg 600

ACCAATGCGGATAATTCCCGTTCGTCAAGGTCTCTCAAAGCATMTTCACNGACGTTGGAATT
TCGCGCGTGATTCTTCAGGTCAAA

<210> 19
<211> 728
<212> ADN
<213> *Streptococcus dysgalactiae*

<400> 19
TGTCAACCATGTGGTGGAGTTAACATGTACATGACACCAACGGATAACGGTTGTCAAA
TGGTTCGCCAGTACGTCCATCATAAAGGACCGTCTAGCATCGCTATCCATACCAGCTTCACGA
ACAGTGTCCCAAAGGTCTTCTGATGAAGCCCCGTCAAAGACAGGTGTTGCAATGTGAATACCAA
GATTACGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGTTCATAACCTGACCAATGTTCATCCGTGATGGCAC
CCCAAGAGGGTTCAACATGATGTCAACTGGTGTCCATCTGGAAGGTATGGCATGTCTCAACT
GGTACAATACCGTAAACAGACACCCCTTGTTCGTGACGACCAGCCATTATCTCCGACTTGA
TCTTACGTTTTGAGCAATGTAACACGACAAGCATATTAACACCTGATTGCAATTCATCGCC
GTTAGCGCGTGTAAAGATTTCACATCACGAACGATACCATCACCAACCGTGAGGTACACGAAGG
GACGTATCAGGAACCTCACGTGATTATCTCAAAGATGGCATGCAAGAGACGCTCTCAGCAG
AAAGGTCTTTCACCTTAGGTGTGACTTACCTACTAAGATGTCGCCTTCTTAACCTCAGC
ACCGATAACGGATAATTCCCATTTCGTCAAGGTCTTGAGCGCTTCAACCAACGTTGGAATT
TCGCGGGGTGATTCTTCAGGTCAA

<210> 20
<211> 728
<212> ADN
<213> *Streptococcus bovis*

<400> 20
TGTCAACCATGTGGTGAAGTTGATCATGTACATGATAACCAACAGAGACACGATTATCAA
TGGTTCACCTGTACGACCGTCATAAAGAACGTCTTAGCGTCGCTATCCATACCAGCTTCACGA
ACAGTATCCCAAAGGTCTTCTGAGTTGCCCCGTCAAAGACTGGAGTTGCAATGTGAATACCGA
GGTACGAGCTGCCATACCAAGGTGAAGTTCATAACTTGTCCGATATTCAACGAGATGGCAC
CCCAAGAGGGTTCAACATGATATCAACTGGAGTTCCGTGACGACGGCCATTATCTCGACTTGA
GGAACGATACGAGAAACAACCCCTTGTTCGTGACGACGGCCATTATCTCGACTTGA
TTTACGTTTTGTGCAATGTAACACGAGCATGTTGACACCTGATTGCAATTCATCACC
GTTAGCACGTGTGAAGATTAAACATCACGAACACAACCCGTCTCCACCGTGTGGCACACGAAGT
GATGTATCACGTACTTCACGAGATTATCACCGAAGATTGCGTGAAGAAGCGTTCTCAGCAG
AAAGGTCTTTCACCTTAGGTGTACTTACCTACAAGGATATCACCTCTTAACTTCAGC
ACCGATAACGGATAATTCCCATTTCGTCAAGGTCTTAAGAGCTTCAACCAACGTTGGAATT
TCGCGAGTGATTCTTCAGGTCAA

<210> 21
<211> 728
<212> ADN
<213> *Streptococcus acidominimus*

<400> 21
TTGTCAACCATGTGGTGGAGCTTAATCATGTACATGACACCAACAGACACACGGTTATCAA
ATGGTTCACCAAGTACGACCATCATAAAGAACGTTTAGCATCGCTGTCCATTCTGCCTCTT
AACAGTTGACCAAGAGATCCCTCTGAGCTCGACCATCGAAAACCGGTGCGATATGGATAACCC
AAGTTACGAGCAGCCATACCAAGTGCAGTTCCATAACCTGACCAATATTCAACGAGATGGCA
CCCCAAGTGGGTCAACATGATGTCAACTGGTGTCCATCTGGAAGATATGGCATGTCTCAAC

cgttacttta ccgacaagaa tgcgccttc tttcacctca gcaccaatgc ggataattcc 660
 catttcgtca aggtcttta gcgcacatctc cccaaacgttt ggaatttcgc gcgttaatttc 720
 ttcagggtcca a 731

<210> 18
 <211> 730
 <212> DNA
 <213> *Streptococcus anginosus*

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (691)..(691)
 <223> n représente a, t, c, g ou i

<400> 18
 ttgtcatcaa catgtggtgg ggtgatcatg taacatgaca ccaacggata cacgattatc 60
 aaatggctca ccagtaacggc catcataaaag gattggctt agcatcgcta tccatgccag 120
 cttcacgaac ggtttccaa agatcatctg agctagcccc gtcaaatact ggtgtgcaa 180
 tggatgccc aagggtgcga gcagccatac cgagggtgaag ttccataact tgaccaatgt 240
 tcatacggaa tggcacccca agtgggttca acataatatac aactgggttt ccacatctggaa 300
 gatacggcat atcctcaact ggaacaatgc gggaaacaac ccctttgtt ccgtgacgac 360
 cagccatctt atcccccaaca cggattttcc gtttttgagc gatgtaaaca cgtaccaaca 420
 tggatgacacc agattgcaat tcacccatgt tcgcacgagt aaagattttc acatcacggaa 480
 caacccctgc accaccatgt ggtacacgaa gggaaagtatc acgtacttca cgagatttt 540
 caccggaaat tgcataaggc aggccgttctt cagcagataa gtcttttca ctttcggtg 600
 ttactttacc gacaagaatg tcgccttctt ttacccatgc accaatgcgg ataattcccg 660
 tttcgtaag gtctctcaaa gcatmttcac ngacgtttgg aatttcgcgc gtgattttttt 720
 caggtccaaa 730

<210> 19
 <211> 728
 <212> DNA
 <213> *Streptococcus dysgalactiae*

<400> 19
 ttgtcatcaac catgtggtgg agtttaatca tgcatacatgac accaacggat acacgggtgt 60
 caaatggttc gccagtaacgt ccacatcaaaa ggaccgttcc agcatcgcta tccataccag 120
 cttcacgaac agtgccttccaa aggtcttctg atgaagcccc gtcaaagaca ggtgtgcaa 180
 tggatgacc aagattacga gcagccatac caagggtgaag ttccataacc tgaccaatgt 240
 tcacccgtga tggcacccca agagggttca acatgatgtc aactgggttt ccacatctggaa 300
 ggtatggcat gtcttcaact ggtacaatac gtgaaacgac accctttgtt ccgtgacgac 360
 cagccatctt atctccgact ttgatcttac gtttttgagc aatgtaaaca cgcacaagca 420
 tattaaacacc tgattgcaat tcacccgtt tagcgcgtgt aaagattttc acatcacggaa 480
 cgataccatc accaccgtga ggtacacgaa gggacgtatc acgaacttca cgtgatttt 540
 ctccaaagat ggcatacgaa agacgcttcc cagcagaaag gtcttttca ctttaggtg 600
 tgactttacc tactaagatg tcgccttctt taacccatgc accgatacgg ataattcccg 660
 tttcgtaag gtctttggc gcttcttccac caacgtttgg aatttcgcgc gtgattttttt 720
 caggtccaaa 728

<210> 20
 <211> 728
 <212> DNA
 <213> *Streptococcus bovis*

<400> 20
 ttgtcatcaac catgtggtga agtttgatca tgcatacatgat accaacagag acacgattat 60
 caaatggttc acctgtacga ccgtatcaaaa gaactgttcc agcgatcgcta tccataccag 120
 cttcacgaac agtgccttccaa aggtcttctg aagttcccccc gtcaaagact ggagttgcaa 180
 tggatgacc gagggtacga gctgcatac caagggtgaag ttccataact tgcgtatc 240
 tcatacggaa tggcacccca agagggttca acatgatgtc aactgggttt ccgtctggaa 300
 gatatggcat gtcttcaaca ggaacgatac gagaaacaac ccctttgtt ccgtgacgac 360

TGGTACAATACGAGAAACGACACCCCTGTTACCGTGACGACCGGCCATCTTATCTCCGACCTTA
 ATCTTGCCTTTGAGCGATATACACACGTACAGCATTTAACACCAGACTGTAGCTCATCAC
 CATTAGCACCGCTAAAGATTTCACATCACGAACAAACACCATCTGCACCGTGTGGCACACGTAG
 AGAGGTATCACGTACTTCACGTGATTGTCACCGAAGATAGCATGCAAGAGACGCTCCTCAGCA
 GAAAGATCTTTTCACCTTTGGTGTACCTTACCAACAAGAATATCGCCTCTTAACCTCTG
 CACCGATAACGGATAATACCCATTCTGCAAGGTCTTGAGGGCTTTCACCAACGTTGGAAT
 TTCACCGAGTAATTCTTCAGGTCA

<210> 22
 <211> 733
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus agalactiae*

<400> 22
 TGAGTTGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTGATCATGTACATGACACCAACTGACACACGGTTA
 TCGAATGGTTACCAAGTACGACCATCATAAAAGAACAGTCTTAGCATCTGAATCCATACCTGCTT
 CTTGAACAGTTCCCAAAGGTCTCTGAAGAAGCCCCATCAAAGACTGGCGTTGCAATATGAAT
 ACCTAAATTACGAGCAGCCATACCTAAATGAAGCTCCATAACTTGTCCGATATTACATACGTGAT
 GGCACCCCAAGTGGGTTAACATGATATCAACTGGCGTTCCATCTGGTAAGTAAGGCATATCTT
 CAACAGGAACAATACGTGAGACGACACCTTGTGTTCCGTGACGACCGGCCATCTTACCGAC
 TTTGATTTACGTTTTGAGCGATATAAACCGGGACAAGCATATTAACACCTGATTGCAATTCA
 TCACCATTTGACAGATAAGATTAAACGTACGAACACTACTCCATGCCACCGTGAGGTACAC
 GTAGTGAAGTATCAGAACCTCACGTGATTATCACCAAAAATGGCATGCAAGAGACGTTCTTC
 AGCAGATAAGTCCTTTACCCCTAGGTGTTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTCTTAC
 TCAGCACCAATGCGGATAATTCCCATTTCATCGAGATCACGTAGTGAATCTCACCAACATT
 GGATTCACGAGTAATTCTTCAGGTCA

<210> 23
 <211> 714
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus difficile*

<400> 23
 TTGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTGATCATGTACATGACACCAACTGACACACGGTTATCGA
 ATGGTTCACCAAGTATGACCATCATAAAAGAACAGTCTTAGCATCTGAATCCATACCTGCTTCTTG
 AACAGTTCCCAAAGGTCTCTGAAGAAGCCCCATCAAAGACTGGCGTTGCAATATGAATAACCT
 AAATACGAGCAGCCATACCTAAATGAAGCTCCATAACTTGTCCGATATTACATACGTGATGGCA
 CCCCAAGTGGGTTAACATGATATCAACTGGCGTTCCATCTGGTAATAAGGCATATCTTCAC
 AGGAACAATACGTGAGACGACACCTTGTGTTCCGTGACGACCGGCCATCTTACCGACTTG
 ATTTTACGTTTTGAGCGATATAAACCGGGACAAGCATATTAACACCTGATTGCAATTACATCAC
 CATTGACAGAGATAAGATTAAACGTACGAACACTACTCCATGCCACCGTGAGGTACACGTAG
 TGAAGTATCAGAACCTCACGTGATTATCACCAAAAATGGCATGCAAGAGACGTTCTTCAGCA
 GATAAGTCCTTTACCCCTAGGGTTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTCTTACCTCAG
 CACCAATGCGGATAATTCCCATTTCATCGAGATCACGTAGTGAATCTCACCAACATTGGAAT
 TTACGAGTA

<210> 24
 <211> 728
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus intermedius*

<400> 24
 TGTCAACCATGTGGTGAAGCTTAATCATGTACATGACACCAACGGACACACGGTTATCAAA
 CGGTTGCCAGTACGTCCATCATAAAGGATTGTCCTAGCATCGCTATCCATACCTGCTTCACGA

cggccatTTT	atctccgact	ttgatTTTAC	gtTTTGTGC	aatgtaaACA	cgaacgAGCA	420
tgTTgacACC	tgattGCAAT	tcATCACCGT	tagCACGTGT	gaAGATTTA	acATCACGAA	480
caACACCGTC	TCCACCGTGT	ggCACACGAA	gtgATGTATC	acGTACTTCA	cgAGATTAT	540
cACCGAAGAT	TGCGTGAAGA	aggCGTTCTT	cAGCAGAAAG	gtCTTTTCA	cCTTGGTGT	600
ttACTTTACC	TACAAGGATA	TCACCTTCTT	taACTTCAGC	accGATAACGG	ataATACCCA	660
ttTCGTCAAG	gtCTTTAAGA	gCTTCTTAC	caACGTTGG	aATTTCGCGA	gtgATTCTT	720
cAGGTCAA						728

<210> 21

<211> 728

<212> DNA

<213> *Streptococcus acidominimus*

<400> 21

ttgtcatCAA	ccatgtggTG	gagCTTAATC	atgtACATGA	cacCAACAGA	cacACGGTTA	60
tcaaATGGTT	caccAGTACG	accATCATAA	agaATCGTT	tagCATCGCT	gtCCATTCT	120
gCTCTTTAA	cAGTGTACCA	gagATCCTCT	gagCTCGAC	catCGAAAAC	cggGTGTTGCG	180
atATGGATAC	ccaAGGTACG	AGCAGCCATA	cccAAGTGCA	gtTCCATAAC	ctGACCAATA	240
ttcatacGAG	atggCACCCCC	aAGTGGGTTC	aACATGATGT	caACTGGTGT	tCCATCTGGA	300
agATATGGCA	TGTCTCAAC	TGGTACAAATA	cgAGAAACGA	cACCTTGT	accGTGACGA	360
ccggCCATCT	TATCTTCGAC	CTTAATCTG	cgTTTTGAG	cgATATAACAC	acGTACCGAC	420
atATTAACAC	caGACTGTAG	CTCATCACCA	ttAGCACGCG	taaAGATT	cACATCACGA	480
acaACACCAT	ctgcACCGTG	TGGCACACGT	AGAGAGGTAT	cACGTACTTC	acGTGATTG	540
tcACCGAAGA	tagCATGCAA	gAGACGCTCC	TCAGCAGAAA	gATCTTTTC	ACCTTTGGT	600
gtcACCTTAC	caACAAAGAAT	ATCGCTTCT	tTAACTTCTG	cACCGATAACG	gATAATAACCC	660
attcGTCAA	ggTCTTGTAG	ggCTTCTTC	ccaACGTTG	gaATTTCACG	agTAATTCT	720
tcaAGGTCA						728

<210> 22

<211> 733

<212> DNA

<213> *Streptococcus agalactiae*

<400> 22

ttagTTGTCA	tcaACCATGT	ggTGAAGTTT	gATCATGTAC	atGACACCAA	ctGACACACG	60
gttATCGAT	ggTCACCAAG	TACGACCATC	ataAAAGAAC	gtCTTGTACAT	ctGAATCCAT	120
acCTGCTTCT	TGAACAGTTT	cccAAAGGTC	ttCTGAAGAA	gCCCCATCAA	agACTGGCGT	180
tGCAATATGA	ataCCTAAAT	TACGAGCAGC	cataCCTAA	tGAAGCTCCA	taACTTGTCC	240
gatATTCTATA	cgtGTATGGCA	ccccAAAGTGG	gttCAACATG	atATCAACTG	gcGTTCCATC	300
tGTTAAGTAA	ggCATATCTT	caACAGGAAC	aATACGTGAG	acGACACCTT	TGTTCCGTG	360
acGACCGGGCC	atCTTATCAC	cgACTTTGAT	tttACGTTT	TGAGCGATAT	aaACGCGGAC	420
aAGCATATTA	acACCTGATT	gCAATTCTAC	accATTGCA	cgAGTAAAGA	tttTAACGTC	480
acGAACCTACT	ccATCGCCAC	cgtGAGGTAC	acGTAGTGA	gtATCACGAA	ctTCACGTGA	540
tttATCACCA	aaaATGGCAT	gCAAGAGACG	ttCTTCAGCA	gATAAGTCCT	tttCACCCCT	600
aggTGTtACC	ttACCAACAA	GAATGTCA	ttCTTTTAC	TCAGCACCAA	TGCGATAAT	660
tcccATTTC	TCGAGATCAC	gtAGTGAATC	ttCACCAACA	ttttGGATT	cACGAGTAAT	720
ttCTTCAGGT	CCA					733

<210> 23

<211> 714

<212> DNA

<213> *Streptococcus difficile*

<400> 23

ttgtcatCAA	ccatgtggTG	aaGTTTGATC	atgtACATGA	cacCAACTGA	cacACGGTTA	60
tcGAATGGTT	caccAGTATG	accATCATAA	agaACAGTCT	tagCATCTGA	atCCATACCT	120
gCTTCTTGA	cAGTTCCCA	aaGGTCTCT	gaAGAAAGCCC	catCAAAGAC	TGGCGTTGCA	180
atATGAATAC	CTAAATTACG	AGCAGCCATA	cCTAAATGAA	gTCACATAAC	ttGTCCGATA	240
ttcatacGTG	atggCACCCCC	aaGTGGGTTC	aACATGATAT	caACTGGCGT	tCCATCTGGA	300
aaATAAGGCA	TATCTCAAC	AGAACAATA	cgtGAGACGA	cACCTTGT	TCCGTGACGA	360
ccggCCATCT	TATCACCGAC	tttgATTTA	cgTTTTGAG	cgATATAAAC	cgGGACAAAC	420

ACGGTTCCCAAAGATCATCTGAGCTAGCTCCGTCAAAGACTGGCGTTGCAATGTGGATACCAA
 GGTTGCGAGCAGCCATACCGAGGTGCAATTCCATAACTTGTCCGATATTACATACGTGACGGCAC
 CCCAAGAGGATCAACATGATATCAACTGGTGTCCCGTCTGGAAGATAACGGCATATCCTCAACT
 GGAACAATGCGGGAAACAACCCCTTGTGTTCCGTGGCGTCCGGCATCTTATCTCCAACCGGGA
 TTTTCCGTTTGAGCGATATAAACACGTACCAACATGTTGACACCCGGATTGCAATTACATCACC
 GTTGCACGAGTAAAGATTTCACATCACGGACAACACCTGCACCACCGTGTGGTACACGAAGG
 GAGGTATCACCGCACTTCACGAGACTTACCAAAAATTGATGAAGCAGGCGTTCTCAGCGG
 ATAAATCTTTTCACCTTCCGGCTTACTTTACCGACAAGAAATGTCGCCTCTTTACCTCAGC
 ACCAATGCGGATAATTCCCATCTCGTCAAGGTCTCAAAGCATTTCCCCGACGTTGGAATT
 TCGCGCGTGAATTCTCAGGTCCA

<210> 25
 <211> 728
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus equi*

<400> 25
 TGTCAACCATGTGGTGAACGTTAATCATATACATGACACCAACTGACACACGATTAT
 CAAACGGCTCACCGAGTACGGCCATCATAAAGAACAGTCTTAGCATCGCTATCCATACCTG
 CTTCACGAAACAGTTCCAAAGGTCCTCAGACGTAGCTCCGTCAAAGACCGGTGTTGCGA
 TATGGATAACCCAAATTACGAGCAGGCATACCTAGGTGAAGCTCCATAACCTGTCCAATGT
 TCATACGAGACGGCACCCCAAGAGGGTTCAAGCATGATGTCAACAGGGGTTCCGTCTGGCA
 GATATGGCATATCCTCAACCGGTACAATACGTGAGACGACACCCCTGTTACCATGACGCC
 CGGCCATTATCTCCGACCTTGATTTCACGCTTTGAGCAATGTAACACCGCACCAGCA
 TATAAACACCTGATTGAAGCTCATCACCATTGCGCGTGTAAAGATCTTCACATCACGTA
 CAATCCCGTACCCACCATGAGGAACACGTAACGAGGTATCACGAAACCTCACGTGATTAT
 CACCAAAGATAGCATGCAGGAGACGTTCTCAGCAGAAAGGTCTTTCACCCCTTAGGAG
 TTACCTTACCAACAAGAATATGCCCTCCTTGACCTCTGACCGATAACGGATAATACCCA
 TTTCATCAAGGTCTTGAGGGCTTCTCACCAACGTTGGCACTCACGTGTGATTCTT
 CAGGTCCA

<210> 26
 <211> 718
 <212> ADN
 <213> *Enterococcus gallinarum*

<400> 26
 TCATCAACCATGTGGGCAATTGATCATATACATGACACCTACGGAGATTGACCATCAAATG
 GTTCTCCAGTACGGCCATCATACAAAACGGTTTGGCGTCGCTAGCCATGCCGCTCTGCAAC
 TGTGCCCAGACATCTCATCGCTGGCACCATCAAAGACTGGTGTAGCCACGTGGATTCTTAAT
 TGGCGGGCAGCCATTCTTAAGTGTAAATTCAAATACTTGTCCAATGTTCATCCGTGAAGGCACCC
 CTAATGGGTCAACATGATATCAACTGGTGTACCGTCTGGTAAGAAAGGCATGTCTCTTCTGG
 CATAATGCGAGAAACGACCCCTTATTTCGGTACGGCGGCCATTATCCCTCATGGATT
 TTCCGTTTGAAACGATATACACCGAAGCAGCATATTGACACCTGGTACAAATTATCGCCAG
 CTCGGGGTAAAGATTTCACATCATGGACGATTCCGCCACCCGGTAGGGTACGGCAGAGA
 AGTATCGCGACTTCGGGGCTTTACCAAAGATTGATGAAGCAAGCGTTCTCTGCAGAT
 ASTTCCGTTACCCCTTYAKCGGTACTTTACCAACCANCAGATGCCATCTTGACTCCGCAN
 CAATGCGNNNNNNNNNNNCTNNNCAAANCNTCAATGCGTCTTCCGACATTGGGATTACGA
 GTGATTCTCAGTCA

<210> 27
 <211> 727
 <212> ADN
 <213> *Enterococcus casseliflavus*

atattaacac ctgattgcaa ttcatcacca tttgcacgag taaagattt aacgtcacga 480
 actactccat cgccaccgtg aggtacacgt agtgaagtat cacgaacttc acgtgattta 540
 tcaccaaaaa tggcatgcaa gagacgttct tcagcagata agtcctttc acccttaggc 600
 gttaccttac caacaagaat gtcaccttct tttacctcag caccaatgcg gataattccc 660
 atttcatgaa gatcacgtag tgaatcttca ccaacatttg gaatttcacg agta 714

<210> 24
 <211> 728
 <212> DNA
 <213> *Streptococcus intermedius*

<400> 24
 tgcacatcaac catgtggta agcttaatca tgtacatgac accaacggac acacggttat 60
 caaacgggttccgcagttacgtccatcataaa ggattgttctt agcatcgcta tccataccctg 120
 cttcacgaac gggttcccaa agatcatctg agctagctcc gtcaaagact ggcgttgc当地 180
 tggatacc aagggtgcga gcagccatac cgagggtgcaa ttccataact tgtccgatata 240
 tcatacgtga cggcacccca agaggattca acatgatatac aactggtgccgtctggaa 300
 gatacggcat atcctcaact ggaacaatgc gggaaacaac cccttgcgtt ccgtggcgctc 360
 cggccatctt atctccaacgcggatatttcc gttttgagc gatataaaaca cgtaccaaca 420
 tggatacc gggatggcaat tcatcaccgt tcgcacgatgaaagatttt acatcacgga 480
 caacacctgc accaccgtgt ggtacacgaa gggaggttac acgcacttca cgagacttat 540
 caccaaaaat tgcatgaagc aggcttctt cagcgataaa atcttttca ccttcggcg 600
 ttactttacc gacaagaatg tcgccttctt ttacccatcgc accaatgcggg ataattccc 660
 ttcgtcaag gtcctcaaa gcatcttccc cgacggttgg aatttcgcgc gtgatttctt 720
 caggttcca 728

<210> 25
 <211> 728
 <212> DNA
 <213> *Streptotoccus equi*

<400> 25
 tgcacatcaac catgtggta agcttaatca tatacatgac accaactgac acacgattat 60
 caaacgggtc accagttacgg ccatcataaa gaacagtctt agcatcgcta tccataccctg 120
 cttcacgaac agtttcccaa aggtcctcag acgtagctcc gtcaaagacc ggtgttgc当地 180
 tggatacc caaattacga gcagccatac ctaggtgaag ctccataacc tgtccaatgt 240
 tcatacgaga cggcacccca agagggttca gcatgatgtc aacaggggtt ccgtctggca 300
 gatatggcat atcctcaacc ggtacaatac gtgagacgac acccttgcgtt ccgtacgccc 360
 cggccatctt atctccgacc ttgatatttac gctttgagc aatgtaaaca cgcaccagca 420
 tattaaaccacc tggatggaa tcatcaccat ttgcgcgtgt aaagatctc acatcacgta 480
 caatcccgcc accaccatga ggaacacgta acgaggtatc acgaacctca cgtgatttat 540
 caccaaagat agcatgcagg agacgttctt cagcagaaag gtcttttca cccttaggag 600
 ttacccatcacc aacaagaata tcgccttctt tgacccatcgc accgataacgg ataataccca 660
 ttcgtcaag gtccttgcagg gtccttccac caacggttgg cacttcacgt gtgatttctt 720
 caggttcca 728

<210> 26
 <211> 718
 <212> DNA
 <213> *Enterococcus gallinarum*

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (614)..(670)
 <223> n représente a, t, c, g ou i

<400> 26
 tcatcaacca tggggccaa tttgatcata tacatgacac ctacggagat tcgaccatca 60
 aatggttctc cagttacggcc atcatacaaa acgggttgg cgtcgctacg catgccggct 120
 tctgcaactg ttgcccagac atcttcatcg ctggcaccat caaagactgg tggatccacg 180
 tggattccata attggcgggc agccatttctt aagtgtattt ccaatacttg tccatgttc 240

<400> 27

TGTCATCAACCATGTGGGCCAATTGATCATGTACATGACACCAACGGAGATGCGGCCATCAA
 TGGTTCGGCGTACGTCCGTCAAAGCACTGTTGGCATCGTGGCCATTCTGCTTCAGCA
 ACCGTTGCCAACATCTCATCGTGGCTCCATCAAAGACTGGTGTGCCACGTGAATGCCTA
 ATTGACGCGCAGCCATTCTAAGTGTAACTCTAATACTGTCCAATGTTCATCCGAGAAAGGTAC
 CCCTAATGGGTCAGCATGATATCGACTGGTGTGCCATCTGTAAGAAAGGCATGTCTCTTCT
 GGCATAATGCGAGAACGACCCCTTGTTCGACGTCCGGCATTATCCCCTCATGGA
 TTTTCGTTTGACGATATAACCGAACCAGCATGTTCACACCTGGTGACAATTCATGCC
 AGCTTCGGGTAAGATTTGACATCGGACATTCCGGCCGGCGTGAGGCACGCGTAGA
 GAAGTGTACGCACCTCGGGCTTTTACCAAAGATGCGTGAACAAACGCTTCTGCTG
 AAAGTCCGTTACCCCTTGGCGTGACTTTCCAACAAGCAGATGCCATTTGACTTCCGC
 ACCAATGCGGATAATGCCATTCTAGGTCTTCAACGCGTCTCCCAACGTTGGGATT
 CGCGAGTGATTCTCAGGTCCA

<210> 28

<211> 721

<212> ADN

<213> *Enterococcus saccharolyticus*

<400> 28

TGTCATCAACCATGTGGCAAGTTAACATGACATTACCCAAACAGAGATACGACCATCGAA
 TGGTTCACCGTACGTCCGTCAAAGAACAGTTTCCGATCGCGGCCATGCCGCTCGCGA
 ACTGTTCCCATACTCATCTGATGCACCATCAAATACTGGTGTAGCTACATGGATGCC
 ACTGACGTGCAGCCATCCCTAAGTGTAACTCAAATACTTGTCCGATGTTCATACGAGATGGTAC
 TCCTAGTGGGTTCAACATGATATACTGGTGTGCCGTGGTAAGAATGGCATGTTCTTCT
 GGCATAATGCGAGAGACAACCCCTTGTACCGATGACGTCCGCCATTATCTCCTCGTGAA
 TCTACGTTTGCACGATATAAACACGAACATGTTACACCTGGAGATAATTGTCGCC
 TGCTTCACGGGTAAGATTTAACATCGTAACGATACCGCCACCGCCGTGAGGAACACGTAAT
 GATGTATCAGTACTTCACGTGCTTTACCGAAGATTGCGTGAATAGACGTTCTCTGCAG
 ATAATTGGTTACCCCTTACGGAGTGAATTACCTACTAATAAGTGCACATCTGTACTTCGGC
 ACCGATAACGGATAATACCCATTCTGCTAAAGTCTTTAATGCGTCTCCCAACGTTAGGAATT
 TCGCGTGTATTCTTCAG

<210> 29

<211> 727

<212> ADN

<213> *Enterococcus faecium*

<400> 29

TGTCATCAACCATGTGAGCAAGTTGATCATGTACATCACACCGACAGACACACGTCCATCAA
 TGGTTCACCGTACGTCCGTCAAAGAACAGTTTCCGATCGTGGCCATTCCGGCTTCACGA
 ACTGTTCCCATACTGTCTTCATCATTGACCCATCAAATACTGGCCTGCTACGTGGATACCTA
 ACTGACGTGCAGCCATACCCAAAGTGTAACTCAAATACTTGCCTGATGTTCATACGTGAAGGCAC
 CCCTAAAGGATTCAAGCATGATATCGATTGGTGTCCATCAGGTAGGAATGGCATATCTTCTCC
 GGCATAATACGGGATAACACCCCTTATTCTCGTACGACCGGCCATTATCCCTCATGGA
 TTTTACGTTTGACGATATAAACACGAACATGTTACGCCCTGGTGACAATTCTCATCTCC
 AGCTTCACGAGTAAGATTTCACATCGTAACGATACCGCCGCCATGTGGTACACGTAAT
 AGCTTACGAGTAAAGATTTCACATCGTAACGATACCGCCGCCATGTGGTACACGTAAT
 GATGTATCGGGACTTCACGAGCTTTGCCAAAGATCGCATGCAATAGACGTTCTCTGCAG
 ATAATTCTGTTACCCCTTGGCGTGACTTCCCTACAAGCAAATGCCATTTGGACTTCTGC
 ACCAATACGGATGATAACCCATTCTGCTAAATCTTTAATGCGTCTCCGACATTAGGGATT
 CGCGTGTGATTCTCAGGTCCA

atccgtgaag	gcaccctaa	tggttcaac	atgatatcaa	ctgggttacc	gtctggtaag	300
aaaggcatgt	tttctctgg	cataatgcga	gaaacgaccc	ctttatttcc	gtgacggccg	360
gccattttat	cccctcatg	gattttccgt	tttgaacga	tatacacgcg	aacgagcata	420
ttgacacctg	gtgacaattc	atcgccagct	tcgcggtaa	agattttcac	atcatggacg	480
atccgccac	caccgtgagg	tacgcgcaga	gaagtatcgc	ggacttcgcg	ggctttca	540
ccaaagattg	catgaagcaa	gcgttcttct	gcagatlastt	ccgttacccc	ttyakgcgtt	600
actttaccaa	ccancagatc	gccatcttgc	acttccgcan	caatgcgnn	nnnnnnnnctt	660
nnncaaancn	ttcaatgcgt	cttcccgaca	ttcgggattc	acgagtgatt	ctcagtca	718

<210> 27

<211> 727

<212> DNA

<213> *Enterococcus casseliflavus*

<400> 27

tgtcatcaac	catgtggcc	aatttgcata	tgtacatgac	accaacggag	atgcggccat	60
caaattgggtc	gcccgtacgt	ccgtcgtaaa	gcactgtttt	ggcatcgctg	gccattccctg	120
cttcagcaac	cgttgcacaa	acatcttcat	cgctggctcc	atcaaagact	ggtgttgcac	180
cgtgaatgc	taatttgcgc	gcagccatcc	ctaagtgtaa	ctctaataact	tgtccaatgt	240
tcataccgaga	aggtaaccct	aatgggttca	gcatacgatc	gactgggtgt	ccatctggta	300
agaaaaggcat	gtctttttct	ggcataatgc	gagaaacgac	ccctttgtt	ccgtgacgtc	360
cggccatttt	atccccctca	tggattttcc	gtttttgaac	gatataaaacg	cgaaccagca	420
tgttcacacc	tggtgacaaat	tcatcgccag	cttcgcgggt	aaagattttg	acatcggtga	480
cgttccgc	gcccgcgtga	ggcacgcgt	gagaagtgtc	acgcacttgc	cgggctttt	540
cacccaaagat	tgcgtcaac	aaacgcttt	ctgctgaaag	ttccgttacc	ccttttggcg	600
tgactttccc	aacaagcaga	tcgcacatctt	tgacttccgc	accaatgcgg	ataatgcaca	660
tttcgtctag	gtcttcaac	gcttccccc	aacgttcggg	atttcgcgag	tgatttcttc	720
	aggcgttcc					727

<210> 28

<211> 721

<212> DNA

<213> *Enterococcus saccharolyticus*

<400> 28

tgtcatcaac	catgtggca	agtttaatca	tgtacattac	cccaacagag	atacgaccat	60
cgaatggttc	acccgtacgt	ccgtcataaa	gaacagtttt	cgcatcgccg	gccatgccc	120
cttcgcgaac	tgtttccat	acgtcatcat	ctgatgcacc	atcaaataact	ggtgttagcta	180
catggatgcc	taactgacgt	gcagccatcc	ctaagtgtaa	ttccaataact	tgtccgatgt	240
tcatacgaga	tggtacttct	agttgggttca	acatgatc	aactgggtgt	ccgtctggta	300
agaatggcat	gtctttttct	ggcataatgc	gagagacaac	ccctttgtt	ccatgacgtc	360
ccgcccatttt	atctccctcg	tgaatcttac	gtttttgcac	gatataaaaca	cgaactaaca	420
tgttcacacc	tggagataat	tcgtgcctg	cttcacgggt	aaagatttt	acatcgtaa	480
cgtatccgac	accgcgcgtga	ggaacacgt	atgatgtatc	acgtacttca	cgtgttttt	540
cacccgaagat	tgcgtcaat	agacgttctt	ctgcagataa	ttcgggttacc	cctttaggag	600
tgactttacc	tactaataag	tcgcacatctt	gtacttcggc	acgatacgg	ataataccca	660
tttcgtctaa	gtcttttaat	gcttccccc	caacgtttagg	atttcgcgt	gtatttctca	720
	g					721

<210> 29

<211> 727

<212> DNA

<213> *Enterococcus faecium*

<400> 29

tgtcatcaac	catgtgagca	agtttgatca	tgtacatcac	accgacacagac	acacgtccat	60
caaattggttc	acctgtacgt	ccgtcgtaaa	gaacagtttt	cgcatcgctg	gccataccgg	120
cttcacgaac	tgtttccat	acgtcttcat	cacttgcacc	atcaaataact	ggcggttgcta	180
cgtggatacc	taactgacgt	gcagccatcc	ccaagtgtaa	ttccaataact	tgcggatgt	240
tcatacgta	aggcaccctt	aaaggattca	gcatacgatc	gattgggttt	ccatcaggta	300
ggaatggcat	atcttcttcc	ggcataatac	gggatacaac	cccttttattt	ccgtgacgac	360

<210> 30
 <211> 724
 <212> ADN
 <213> Enterococcus faecalis

<400> 30
 TGTCAACCACATGTGGGCTAATTAAATCATATACATGACACCAACGGAAATACGGTTATCAA
 TGGTTCACCTGTACGCCATCGTAAAGAACTGTTAGCATCGCTAGCCATACCAGCTTCACGA
 ACAGTTCCCAAACGTCTTCATCGGTTGCCCATCGAAACAGGTGTTGCGACGTGAATACCTA
 ATTGGCGAGCAGCCATACCTAACGTTAATTCAAGTACTTGTCCGATATTCAACGAGAAAGGTAC
 CCCTAACGGGTCAACATGATATCAACAGGTGTTCCGTCAAGGTAAAGAATGGCATATCTTCTCC
 GGCTAACGGGAAACAACCCCTTATTTCGTGACGTCCGCCATTATCTCCTTCGTGAA
 TTTACGTTTGAACGATATAGACACGAACAACTAACATGTTGACACCTGGTGATAATTCAATGCC
 AGCTTCACGAGTAAAGATTTCACATCATGAACGATACGCCGCCACCGTGAGGTACACGGAGA
 GACGTATCACGAACCTCGGGGCTTTTCCCGAAGATTGCGTGAATAAACGTTCTTCAGC
 ATAATTCTGTGACCCCTTGTAGGTGACTTTCCAACTAGTAAGTCGCCATCTGAACTTCAGC
 ACCAATGCGGATAATCCCCATTTCGTCTAACGCGTCTCCAACGTTGGAATT
 CACGGGTATTCTTCAGGTCA

<210> 31
 <211> 570
 <212> ADN
 <213> Enterococcus avium

<400> 31
 GTCCATCATAAAGAACGGTCTTAGCATCTGCTGCCATACGAGCTCACGAACGTGTTCCC
 AAACATCGCTATCTTGGCACCACATCGAACAGACTGGTGTGCAACATGGATACTAGTTGGC
 GAGCGCCATCCCAAGTGAATTCAAACACTTGTCCGATGTTCATCCGAGATGGCACAC
 CTAATGGGTCAACATGATATCAACTGGCGTACCGTCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCTT
 CTGGCATAATGCGAGAACGACCCCTTATTTCGTGACGGCCGCCATTATCCCCCTT
 CATGAATCTTACGTTTGCACGATGTACACGCGCACTAACATATTACACTGGAGATA
 ATTCACTGCCCTGCTTCACGAGTAAAGATCTCACATCGTGAACGATCCGCCGCCACCAT
 GCGTACACGAAGAGATGTATCACGAACCTCACGAGCCTTTACCAAAAGATCGCATGCA
 ACAAACGTTCTTCAGCTGATAATTCTGTACCCCTTGTAGGAGTGAACTTACCAACTAATA
 AATCACCATCATGAACCTCAGCACCAATAC

<210> 32
 <211> 732
 <212> ADN
 <213> Abiotrophia defectiva

<400> 32
 GAAGTTGTACATCAACCACATGTGGGCCAACTTAATCATGTACATAACCCAACAGAGACTTACGG
 TCAAATGGTCACCGGTTGACCATCATATAAGATAGTCTTAGCGTCAGCTTCTAACGCCGGCTT
 CCTTAACGTGTTCCCAAGACATCTCTTCACTAGCACCGTCAAAGACAGGTGTTGCAATCTTGAT
 GCCCATTCGCGAGCAGCCATCCCAAGTGAACCTAGGACTTGGCCGATGTTCATACGGGAT
 GGAACCCCTAATGGGTCAACATGATATCAACTGGGTACCATCTGGTAAGAATGGCATATCTT
 CTTCCGGCATGATAAGGGAGACAACCCCTTGTACCGTGACGACGGCCATCTTATCCCCCTTC
 ATTGATTCTACGTTTGTACGATGTAGACCGGACTAGCTTGTGACACACTGGTGCCAATTG
 TCGCCAGCTCGCGGGTAAAGATTAAACGCGTGGACAATCCGCCCGCGTGTGGCACAC
 GCAAGGAAGTACACGTACTTCACGCCCTTCTCACCGAAGATAGCATGGAGCAAGCGTTCTTC
 CGCAGACAACTCGGTACACCTTGTGGTACCTAACAAACTAACGATATCGCCGTCTTTACT
 TCCGCCCGATAACAGATAATCCCGTCTTGTCTAACGTTACTGAGGGCATCTCGGACACGTTG
 GAATTTCGCGTGTAAATTCTTCAGGTCA

cgcccatat	ttatcccttca	tggatttac	gttttgaac	gatataaaca	cgaactaaca	420
tgtttacgcc	tggtgacaat	tcatctccag	cttcacgagt	aaagatttc	acatcgtaa	480
cgataccgcc	gcccgcatgt	ggtacacgta	atgatgtatc	gcggacttca	cgagctttt	540
cggccaaagat	cgcacatgt	agacgttctt	ctgcagataa	ttctgttacc	cctttggcg	600
tgactttccc	tacaagcaaa	tcgccatctt	ggacttctgc	accaatacgg	atgataacca	660
tttcgtctaa	atcttttaat	ggtcttccc	gacattaggg	atttcgcgtg	tgatttcttc	720
aggcgttca						727
<210> 30						
<211> 725						
<212> DNA						
<213> Enterococcus faecalis						
<400> 30						
tgtcatcaac catgtggcgt aatttaatca tatacatgac accaacggaa atacggttat						60
caaatgttcc acctgtacgt ccatcgtaaa gaactgtttt agcatcgta gccataccag						120
cttcacgaac agtttccca acgttccat cgggtgcggcc atcggaaaaca ggtgttgcga						180
cgtgaatacc taattggcga gcagccatac ctaagtgtaa ttcaagtact tgcgttat						240
tcatacggaa aggtacccct aatgggttca acatgatatac aacaggttcc cggtcaggta						300
agaatggcat atcttcttcc ggcataatac gggaaacaaac cccttattt cggtgacgtc						360
ccggcatttt atctccttcc tgaattttac gtttttgaac gatatagaca cgaactaaca						420
tggtgacacc tggtgataat tcatcgccag cttcacgagt aaagatttc acatcatgaa						480
cgataccgcc gccaccgtga ggtacacgga gagacgtatc acgaacttcg cgggctttt						540
ccccgaagat tgcgtgtaat aaacgttctt ctgcagataa ttctgtgacc ccttttagtg						600
tgactttccc aactagtaag tcgccatctt gaacttcagc accaatgcgg ataatccca						660
tttcgtctaa gtcttcaac ggtcttccc aacggttggaa atttcacggg tatttcttca						720
ggcgttca						725
<210> 31						
<211> 570						
<212> DNA						
<213> Enterococcus avium						
<400> 31						
gtcccatata aagaacggtc ttagcatctg ctgccatatacg agcttcacga actgtttccc						60
aaacatcgct atcttgcgc acatcgaa cttgggtgtc aacatggata cctagttggc						120
gagccggcat tcccaagtgt aattccaaata cttgtccat gttcatccga gatggcacac						180
ctaattgggtt caacatgata tcaactggcg taccgtctgg taagaaaggc atgtcttctt						240
ctggcataat gcgagaaacg acccccttta ttcgttgacg gccggccatt ttatccccctt						300
catgaatctt acgttttgc acgtatgtaca cgcgcactaa catatttaca cctggagata						360
attcatcgcc tgcgttacga gtaaaagatct tcaatcgtaa aacgatccccg cggccaccat						420
gcggtacacg aagagatgt a tcaacgaaactt caccggcctt ttcacccaaag atcgcatgca						480
acaaacgttc ttcagctgt aattctgtta cccctttagg agtgcattt ccaactaata						540
aatcaccatc atgaacttca gcaccaatac						570
<210> 32						
<211> 732						
<212> DNA						
<213> Abiotrophia defectiva						
<400> 32						
gaagttgtca tcaaccatgt gggccaactt aatcatgtac ataacccaa cagagacttt						60
acggtaaat ggttacccgg ttcgaccatc atataagata gtcttagcgt cagttctaa						120
gcccgttcc ttaactgttt cccagacatc ttcttcaacta gcaccgtcaa agacagggtgt						180
tgcaatcttgc atgcccattt cgcgagcagc catccccaa tgtaactcta ggacttgcgc						240
gatgttcata cgggatggaa cccctaatgg gttcaacatg atatcaactg gggtaccatc						300
tggtaagaat ggcataatctt ttccggcat gataagggag acaacccctt ttttacgtg						360
acgaccggcc atcttataccc ttccattgtat ttacgtttt tgtaactgtt agacgcggac						420
tagcttgcgtt acacccgtgt ccaattcgta gccagcttcg cgggtaaaga ttttaacgtc						480
gtggacaatc cccggcccccgc cgtgtggcac aegcaaggaa gtatcacgtt cttcacgcgc						540
tttcgttccacc aagatagcat ggagcaagcg ttcttccgca gacaactcgg tcacacctt						600

<210> 33
 <211> 727
 <212> ADN
 <213> *Gemella morbillorum*

<400> 33
 TGTCAACCATGTGCAAGTTATCATGTACATTACCCCTACAGATAACGGCTATCAAAT
 GGCTCACCTGTACGTCCGTACATAAAGAACTGTCTAGCATTTAGCCATTCCAGCTTCCGCAA
 CTGTAGACCAACATCTTCATCAGTAGCACCACATCGAATACTGGTAGCTACGTGGATTCCAAG
 TTGTTAGCAGCCATACCTAACGTTAGCTCTAAACTTGTCCAATGTTACAGAGATGGAACC
 CCAAGTGGGTTAACATTACGTCAACTGGTAGCATCTGGTAGGTAAAGGCATATCTTCTTCTG
 GTAAGATATTGAGATAACCCTTGTTACCGTGACGACCGGCCATTATCTCCTACACGAAT
 TTTACGTTTGGACGATAAACAGAACAGTTACACCGTTAGGTAACTCAGCACCA
 TCTTCACGTTAACAGATTAAACATCAGCAACTACTCCATCAGCACCGTGAGGTACACGTAATG
 AAGTATCACGTACTTCTTAGTTAGCTCCAAAGATAGCATATAATAATTCTTCTGGAGT
 TTGTTCAAGTTAACATTCTTCGGTGTAACTTACCTACTAAATATCTCCATTTAACCTCAGCC
 CCAATACGAATGATTCCCTCGTGCATCTAACGTTCTAACGTTGCATTTCACCCCTACGTTGGAATC
 TCACGAGTAATTCTTCAGGTCA

<210> 34
 <211> 726
 <212> ADN
 <213> *Gemella haemolysans*

<400> 34
 TGTCAACCATGTGCAAGTTAACATTACGTACATTACCCCTACAGATAACGGCTATCAA
 TGGCTCACCTGTACGTCCGTACATAAAGAACTGTCTAGCATTTAGCCATTCCAGCTTCCGCA
 ACTGTAGACCAACATCTTCATCAGTAGCACCACATCGAATACTGGTAGCTACGTGGATTCCA
 GTTGGTTAGCAGCCATACCTAACGTTAGCTCTAAACTTGTCCAATGTTACAGAGATGGAAC
 CCCAAGTGGGTTAACATTACGTCAACTGGTAGCATCTGGTAGGTAAAGGCATATCTTCTTCT
 GGTAAGATATTGAGATAACCCTTGTTACCGTGACGACCGGCCATTATCTCCTACACGA
 TTTACGTTTGGACGATAAACAGAACAGTTACACCGTTAGGTAACTCAGCACCA
 ATCTTCACGTTAACAGATTAAACATCAGCAACTACTCCATCAGCACCGTGAGGTACACGTAAT
 GAAGTATCACGTACTTCTTAGTTAGCTCCAAAGATAGCATATAATAATTCTTCTGGAG
 TTGTTCAAGTTAACATTCTTCGGTGTAACTTACCTACTAAATATCTCCATTTAACCTCAGC
 CCAATACGAATGATTCCCTCGTGCATCTAACGTTCTAACGTTGCATTTCACCCCTACGTTGGAATC
 TCACGAGTATTCTTCAGGTCA

<210> 35
 <211> 719
 <212> ADN
 <213> *Granulicatella adjacens*

<400> 35
 CATCAACCATGTGAGCAAGTTGATCATGTACATAACCCCTACTGACACACGGTTATCGAATGG
 TTCCCTGTACGTCCATCATATAGAATTGTTTCGCATCACGAGCCATACCGCTTCTGCAACA
 GTTCCCCATACGTCTTCATCTTGCACCATCGAATACTGGTGTGCGATGTAATACCTAATT
 CACGAGCAGCCATCCCTAACGTTAGCTAACACTTGTCCGATGTTACACGTGAAGGTACCCCC
 TAATGGGTTAACATGATGTAACGGTGTCCATCTGGTAAGAATGGCATATCTTCTCCGGC
 ATAATACGGAAACAAACCCCTTATTACCGTGACGTCCGGCATCTTATCCCTTCATTGATTT
 TACGTTTGTACAATATACACGAACATAATTGTTACGCCAGGTGCTAATTACACCTGC
 TGACGTGTGAATACACGTACATCAGGACAATACGCCACCGCCGTGAGGTACACGTAGAGAT
 GTGTCACGAACCTCACGAGCTTTCACCGAAGATTGCGTGTAAATAACGTTCTGGTATT
 GTCTGTTAACCCCTTACGGAGTTACTTACCAACTAACGATGTCACCATTTAACCTCGGCACC
 GATACGAATAATTCCGTCTCGTCTAGGTTCTAACGCGTCTCCCAACGTTGGAATCTCAC
 GAGTAATTCTTCAGG

tgggtttacc ttaccaacta agatatcgcc gtctttact tccggccccga tacagataat 660
cccgcttgg tctaagtact tgagggcattt ttcggacacg tttggaaattt cgcgtaat 720
ttcttcaggtaat 732

<210> 33
<211> 727
<212> DNA
<213> *Gemella morbillorum*

<400> 33
tgtcatcaac catgtgtgca agtttatcat gtacattacc cctacagata cacggctatc 60
aaatggctca cctgtacgtc cgtcataaaag aactgtctt gcatcttag ccattccagc 120
ttccgcaact gtagacccaa catcttcattc agtagcacca tcgaataactg gtgttagctac 180
gtggattcca agttgttag cagccatacc taagtgttagc tctaataactt gtccaatgtt 240
catacgagat ggaacccaa gtgggtttaa cattacgtca actgggtgac catctggtag 300
gtaaggcata tcttcttctg gtaagatatt tgagataacc ccttggtagt cgtgacgacc 360
ggccatittt tctccttacac gaattttacg tttttggacg ataaatacac gaacaagg 420
atttacaccg ttaggttaatt cagcaccatc ttcacgttt aagattttaa catcagcaac 480
tactccatca gcaccgttag gtacacgtaa tgaagtatca cgtacttctt tagatttagc 540
tccaaagata gcatataata attttcttc tggagtttg tcaagttatc ctttcgggt 600
aactttaccc actaaaatat ctccatctt aacttcagcc ccaatacga tgattcctcg 660
tgcatctaaag tttcttaagt cattttcacc ctacgtttg aatctcacga gtaatttctt 720
caggtca 727

<210> 34
<211> 726
<212> DNA
<213> *Gemella haemolysans*

<400> 34
tgtcatcaac catgtgtgca agtttaatca tgtacattac ccctacagat acacggctatc 60
caaatggctc acctgtacgt ccgtcataaa gaactgtctt agcatcttta gccattccag 120
cttccgcaac ttagacccaa acatcttcat cagtagcacc atcgaataact ggttagct 180
cgtggattcc aagttttta gcagccatac ctaagtgttag ctctaataact tgcataatgt 240
tcatacgaga tggacccaa agtgggttta acattacgtc aactgggtgta ccacatggta 300
ggttaaggcat atcttcttctt gtaagatatt ttgagataac ccctttgtta ccgtgacgac 360
cgccatattt atctcctaca cgaattttac tttttggac gataaaataca cgaacaagg 420
catttacacc gtttagtaat tcagcaccat ttcacgttt aagattttaa acatcagca 480
ctactccatc agcaccgtga ggtacacgtt atgaagtatc acgtacttctt tagatttag 540
ctccaaagat agcatataat aattttctt ctggagtttg ttcagttat ctttcgggt 600
taactttacc tactaaaata tctccatctt taacttcagc cccaatacga atgattcctc 660
gtcatctaa gtttcttaagt gcattttcac ctacgtttg aatctcacga gttttttca 720
ggtcca 726

<210> 35
<211> 719
<212> DNA
<213> *Granulicatella adjacens*

<400> 35
catcaaccat gtgagcaagt ttgatcatgt acataacccc tactgacaca cggttatcga 60
atggttcccc ttagtacgtcca tcatatagaa ttgttttcgc atcacgagcc ataccgctt 120
ctgcaacagt tccccatcgt tttcatctt ggcacccatac gaataactgtt gttgcgtatgt 180
aaataacctaa ttacgagca gccatcccta agtgtactc taacacttgtt ccgtatgttca 240
tacgtgaagg tacccttaat gggtttaaca tgatgtcaac tgggtttcca tctgttaaga 300
atggcatatc ttcttcggc ataaatcggg aaacaacccc ttattaccc tgacgtccgg 360
ccatcttatac cccttcatgtt atttacgtt ttgttacaat atatacacga actaatttgtt 420
ttacgcccagg tgcttaattca tcacctgctg cacgtgtgaa tacacgtaca tcacggacaa 480
taccggccacc ggcgtgaggt acacgttagag atgtgtcacg aacttcacga gcttttcac 540
cgaagattgc gtgtataaaa cgttcctctg gtgatttttc tgtaaccct ttaggagttt 600

<210> 36
<211> 21

<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence : amorce

<400> 36

AGACGGACCTTCTATGGAAAA

<210> 37

<211> 20

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 37

GGACACATACGACCATAGTG

<210> 38

<211> 21

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 38

GTTGTAACCTCCCCAWGTCAT

<210> 39

<211> 20

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 39

GTCTTCWTGGGYGATTTC

<210> 40

<211> 20

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

ctttaccaac taagatgtca ccatctttaa cttcggcacc gatacgaata attccgtctg 660
cgtctaggtt cttcaatgcg tcttcccaac gtttggaaatc tcacgagtaa ttcttcagg 719

<210> 36
<211> 21
<212> DNA
<213> amorce

<400> 36
agacggacct tctatggaaa a 21

<210> 37
<211> 20
<212> DNA
<213> amorce

<400> 37
ggacacatac gaccatagtg 20

<210> 38
<211> 21
<212> DNA
<213> amorce

<400> 38
gttgtaacct tcccaawgtca t 21

<210> 39
<211> 20
<212> DNA
<213> amorce

<400> 39
gtcttcwtgg gygatttccc 20

<210> 40
<211> 21
<212> DNA
<213> amorce

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> n représente i

<400> 40
accgtggngc wtggtrgaa t 21

<210> 41
<211> 20
<212> DNA
<213> amorce

<400> 41
aaccaaattcc gyatyggtyt 20

<210> 42
<211> 20
<212> DNA
<213> amorce

<400> 40
ACCGTGGIGCWTGGTTRGAAT

<210> 41
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 41
AACCAATTCCGYATYGGTYT

<210> 42
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 42
AGIGGGTTAACATGATGTC

<210> 43
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 43
AGIGCCAAACCTCCATCTC

<210> 44
<211> 21
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 44
CTCCAAGTGAACAGATGTGTA

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> n représente i

<400> 42
agnggggtta acatgatgtc 20

<210> 43
<211> 20
<212> DNA
<213> amorce

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> n représente i

<400> 43
agngcccaaa cctccatctc 20

<210> 44
<211> 21
<212> DNA
<213> amorce

<400> 44
ctccaaagtga acagatgtgt a 21

<210> 45
<211> 26
<212> DNA
<213> amorce

<400> 45
ttacccaaact taatttagat tcaaac 26

<210> 46
<211> 22
<212> DNA
<213> amorce

<400> 46
agtattttatg ggtgatttcc ca 22

<210> 47
<211> 26
<212> DNA
<213> amorce

<400> 47
ggacgttata aaatcaacaa aaaatt 26

<210> 48
<211> 23
<212> DNA
<213> amorce

<400> 48
agtataacc atcccaagtc atg 23

<210> 45
<211> 26
<212> ADN
<213> Séquence artificielle
<223> Description de la séquence artificielle: amorce
<400> 45
TTACCAAACTTAATTGAGATTCAAAC

<210> 46
<211> 22
<212> ADN
<213> Séquence artificielle
<223> Description de la séquence artificielle: amorce
<400> 46
AGTATTATGGGTGATTCCTTCA

<210> 47
<211> 26
<212> ADN
<213> Séquence artificielle
<223> Description de la séquence artificielle: amorce
<400> 47
GGACGTTATAAAATCAACAAAAAATT

<210> 48
<211> 23
<212> ADN
<213> Séquence artificielle
<223> Description de la séquence artificielle: amorce
<400> 48
AGTTATAACCATCCCAAGTCATG

<210> 49
<211> 23
<212> ADN
<213> Séquence artificielle
<223> Description de la séquence artificielle: amorce
<400> 49
TGAAGTTTATCATCAACCATGTG

<210> 49
<211> 23
<212> DNA
<213> amorce

<400> 49
tgaagtttat catcaaccat gtg 23

<210> 50
<211> 18
<212> DNA
<213> amorce

<400> 50
cccaaaacgt tgtccacc 18

<210> 51
<211> 20
<212> DNA
<213> amorce

<400> 51
aaccaagcyc ggttaggrat 20

<210> 52
<211> 25
<212> DNA
<213> amorce

<220>
<221> misc_feature
<222> (15)..(15)
<223> n représente i

<400> 52
atgttgaacc cactnggggt gccat 25

<210> 50
<211> 18
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 50
CCCAAAACGTTGTCCACC

<210> 51
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 51
AACCAAGCYCGGTTAGGRAT

<210> 52
<211> 25
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 52
ATGTTGAACCCACTIGGGGTGCCAT

DÉPARTEMENT DES BREVETS

26 bis, rue de Saint Pétersbourg
75800 Paris Cedex 08
Téléphone : 01 53 04 53 04 Télécopie : 01 42 93 59 30

DÉSIGNATION D'INVENTEUR(S) Page N° 1.. / 1..

(Si le demandeur n'est pas l'inventeur ou l'unique inventeur)

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 113 W/260899

Vos références pour ce dossier
(facultatif)

H52 437 C10/MD

N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL

0213)92/

TITRE DE L'INVENTION (200 caractères ou espaces maximum)

Identification moléculaire des bactéries du genre Streptococcus et genres apparentés

LE(S) DEMANDEUR(S) :

UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE (Aix-Marseille II)
Jardin du Pharo - 58 Boulevard Charles Livon
13284 MARSEILLE Cedex 7
et

CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE - CNRS
3, rue Michel Ange
75794 PARIS CEDEX 16

DESIGNE(NT) EN TANT QU'INVENTEUR(S) : (Indiquez en haut à droite «Page N° 1/1» S'il y a plus de trois inventeurs, utilisez un formulaire identique et numérotez chaque page en indiquant le nombre total de pages).

Nom		RAOULT	
Prénoms		Didier	
Adresse	Rue	80, rue de Lorraine	
	Code postal et ville	13008	MARSEILLE
Société d'appartenance (facultatif)			
Nom		DRANCOURT	
Prénoms		Michel	
Adresse	Rue	9, Traverse de la Pauline	
	Code postal et ville	13012	MARSEILLE
Société d'appartenance (facultatif)			
Nom			
Prénoms			
Adresse	Rue		
	Code postal et ville		
Société d'appartenance (facultatif)			
DATE ET SIGNATURE(S) DU (DES) DEMANDEUR(S) OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)		 Paul HERARD (CPI 94-1205)	

PCT Application

FR0303293



**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.